



VERIFICATION OF TRANSLATION

I, Norio Ohmori, registered Patent Attorney, having my business place at Fukuoka Building, 9th Floor 8-7, Yaesu 2-Chome, Chuo-ku, Tokyo 104-0028 Japan, do hereby declare that I am conversant in the Japanese and the English language and that I am the translator of the documents attached and certify that to the best of my knowledge and belief the following is a true and correct English translation of the specification contained in the Application No. JP2001-135256.

Signature: 
Norio Ohmori

This 24th day of June, 2005

**CERTIFIED COPY OF
PRIORITY DOCUMENT**

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application: 2 0 0 1 年 5 月 2 日

出 願 番 号
Application Number: 特 願 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

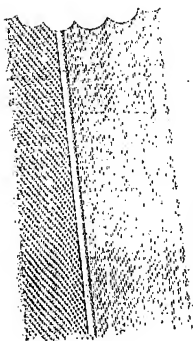
パリ条約による外国への出願
に用いる優先権の主張の基礎
となる出願の国コードと出願
番号

The country code and number
of your priority application,
to be used for filing abroad
under the Paris Convention, is

J P 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

出 願 人
Applicant(s):

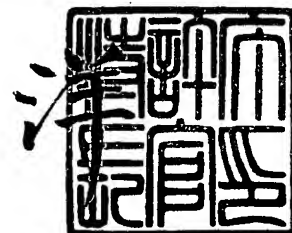
理化学研究所
中村 祐輔
関根 章博
飯田 有俊
斎藤 督



特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

2 0 0 5 年 6 月 2 3 日

小 川



	[Document Name]	Patent Application
	[Reference Number]	RJH12-147S
	[Submission Date]	May 2, 2001
	[Addressee]	Commissioner of the Patent Office
5	[International Classification]	G01N 33/00
	[Title of the Invention]	Method of Detecting Gene Polymorphism
	[Number of Claims]	16
	[Inventor]	
	[Residence]	1-17-33, Azamino, Aoba-ku,
10		Yokohama-shi, Kanagawa
	[Name]	Yusuke Nakamura
	[Inventor]	
	[Residence]	1-11-8, Kita, Kunitachi-shi, Tokyo
	[Name]	Akihiro Sekine
15	[Inventor]	
	[Residence]	21, Tajiricho, Nakahara-ku
		Kawasaki-shi, Kanagawa
	[Name]	Aritoshi Iida
	[Inventor]	
20	[Residence]	Kawabe Park Homes 108, 5-10-6, Higashiome
		Ome-shi, Tokyo
	[Name]	Susumu Saito
	[Applicant for patent]	
	[Identification Number]	000006792
25	[Name]	RIKEN
	[Applicant for patent]	
	[Identification Number]	500056758
	[Name]	Yusuke Nakamura
	[Applicant for patent]	
30	[Identification Number]	501002471
	[Name]	Akihiro Sekine
	[Applicant for patent]	
	[Identification Number]	501002482
	[Name]	Aritoshi Iida
35	[Applicant for patent]	

[Identification Number] 501002493
[Name] Susumu Saito
[Attorney]
[Identification Number] 100091096
5 [Patent Attorney]
[Name] Yusuke Hiraki
[Appointed Attorney]
[Identification Number] 100096183
[Patent Attorney]
10 [Name] Sadaji Ishii
[Claim of Priority based on a Prior Patent Application]
[Application Number] 2000-399443
[Filing Date] December 27, 2000
[Official Fee]
15 [Prepayment Register Number] 015244
[Amount of Payment] 21000
[List of What Is Submitted]
[Item] Specification 1
[Item] Drawings 1
20 [Item] Abstract 1
[General Power of Attorney] 9503618
[Request of poof] Yes

25

[Name of Document] SPECIFICATION

[Title of the Invention] METHOD OF DETECTING GENE POLYMORPHISM

[Scope of Claims]

1. A method for detecting a genetic polymorphism(s), comprising creating
5 oligonucleotide probes and/or oligonucleotide primers so that the probes and/or primers
contain a polymorphic site(s) present in a gene encoding a drug metabolizing enzyme or so
that the polymorphic site(s) is/are contained in the amplified fragment when at least one of
said gene encoding the drug metabolizing enzyme is amplified; and detecting at least one
genetic polymorphism in a gene of a subject encoding the drug metabolizing enzyme using
10 the resultant oligonucleotide probes and/or oligonucleotide primers.

2. The method according to claim 1, wherein the oligonucleotide probe and/or
oligonucleotide primer containing a gene polymorphic site is created so that the nucleotide
positioned at its 5' or 3' end or its central part is the polymorphic site.

3. The method according to claim 1, wherein the oligonucleotide probe
15 containing a gene polymorphic site is composed of two fragments being linked to each other,
one fragment being hybridizable to the gene encoding a drug metabolizing enzyme and the
other fragment being not hybridizable thereto, and said polymorphic site is positioned at the
5' or 3' end of the hybridizable fragment.

4. The method according to claim 1, wherein the oligonucleotide probes and/or
20 oligonucleotide primers containing a gene polymorphic site comprising an at least 13
nucleotide sequence within any of the nucleotide sequences as shown in SEQ ID NOS: 1
through 1380, said at least 13 nucleotide sequence containing the 21st nucleotide, or a
sequence complementary to said at least 13 nucleotide sequence.

5. The method according to any one of claims 1 to 4 wherein the polymorphism
25 is a single-nucleotide polymorphism, a polymorphism caused by deletion, substitution or
insertion of a plurality of nucleotides, or a VNTR or microsatellite polymorphism.

6. A method for evaluating a drug, wherein the effectiveness and safety of a drug
metabolized by the drug metabolizing enzyme are evaluated based on the results obtained by
the detection method according to any one of claims 1 to 5.

7. A method for screening a drug, wherein the drug to be used is selected based
30 on the results obtained in the evaluation method according to claim 6.

8. A method for screening a drug, wherein the genetic polymorphism data
associated with the gene encoding a drug metabolizing enzyme in a control subject is
compared to the genetic polymorphism data associated with the same gene in a test subject,
35 and wherein a drug to be used is selected from the results of an analysis of the effectiveness

and/or safety of the drugs metabolized by the drug metabolizing enzyme.

9. The method according to any one of claims 1 to 8 wherein information of the polymorphic site is as shown in Table 1.

10. The method according to any one of claims 1 to 9, wherein the drug metabolizing enzyme is at least one selected from the group consisting of epoxide hydrolase, methyltransferase, N-acetyltransferase, sulfotransferase, quinone oxidoreductase, glutathione S-transferase, UDP-glycosyltransferase, aldehyde dehydrogenase, alcohol dehydrogenase, esterase, NDUF, cytochrome P450 (CYP) and ATP-binding cassette.

11. An oligonucleotide selected from the group consisting of the nucleotide sequences as shown in SEQ ID NOS: 1 through 1380 and sequences complementary thereto.

12. An oligonucleotide created so that it contains information of the polymorphic site present in a gene encoding a drug metabolizing enzyme.

13. The oligonucleotide according to claim 12, which is created so that the nucleotide positioned at its 5' or 3' end or its central part is the polymorphic site.

14. The oligonucleotide according to claim 12, wherein the oligonucleotide containing a polymorphic site is composed of two fragments being linked to each other, one fragment being hybridizable to the gene encoding a drug metabolizing enzyme and the other fragment being not hybridizable thereto, and said polymorphic site is positioned at the 5' or 3' end of the hybridizable fragment.

15. The oligonucleotide according to any one of claims 12 to 14, wherein the oligonucleotide comprising an at least 13 nucleotide sequence within any of the nucleotide sequences as shown in SEQ ID NOS: 1 through 1380, said at least 13 nucleotide sequence containing the 21st nucleotide, or a sequence complementary to said at least 13 nucleotide sequence.

16. A genetic polymorphism detection kit comprising the oligonucleotide according to any one of claims 11 to 15.

[Detailed Description of the Invention]

[Technical Field to which the Invention Pertains]

The present invention relates to information on genetic polymorphisms; a method for detecting information on genetic polymorphisms; a method for evaluating drugs using genetic polymorphisms; and a method for screening for drugs.

[Background Art]

As physical appearances of human individuals vary infinitely, the human genetic code consisting of three billion (3,000,000,000) base pairs vary at a considerably large number of sites when compared among individuals. These differences in the genetic code

are called genetic polymorphisms, and single nucleotide polymorphism is known as a representative polymorphism.

Single nucleotide polymorphism (SNP) means a difference in one DNA letter among individuals. As faces and shapes of human individuals vary infinitely, nucleotide sequences (i.e. genetic code) of individuals vary at a considerably large number of sites. SNPs are classified into cSNP (coding SNP) and gSNP (genome SNP) depending on their locations; cSNP is further classified into sSNP (silent SNP), rSNP (regulatory SNP) and iSNP (intron SNP).

These SNPs are useful as polymorphic markers in searching for those genes which are associated in the development or worsening of diseases; finally, these SNPs directly relates to risk diagnosis of diseases or selection and use of therapeutic drugs in the clinical field. Also, drug development on the basis of evidence obtained using causative substances as target molecules has become the trend of the world. When a drug is administered to patients with the same disease, their responsiveness is diverse. Some patients show remarkable effect; some patients show low effect; and some patients show no effect. Thus, responsiveness to a drug varies greatly depending on the patient. Even if the conditions of patients are the same and diagnosed as the same disease, the routes which have caused that disease may be different; or the metabolizing rate of the drug may vary greatly among patients. Therefore, it is desired to select an appropriate drug and develop an appropriate therapeutic method against a target disease based on genetic polymorphisms such as SNPs (i.e. the so-called personalized medicine is desired).

In addition to responsiveness to drugs, the problem of strong side effect which sometimes might be lethal is also one of the major problems that medical staffs should address. Even if there is no excessive administration caused by prescription error or the like, unexpected, lethal side effect might occur. Therefore, with respect to responsiveness to a drug, it is desired that the metabolism and delivery of the drug, the responsiveness of the drug's receptor and the sensitivities of those receptors associated with side effect should be determined taking into account genetic polymorphisms such as SNPs.

[Problem to be Solved by the Invention]

It is an object of the present invention to provide a method for detecting information on genetic polymorphism; a method for evaluating the efficacy and safety of drugs based on the information; and a method for screening for drugs.

[Means for Solving Problem]

As a result of extensive and intensive researches toward the solution of the above problem, the present inventors have succeeded in establishing a method which comprises

detecting genetic polymorphisms in a gene encoding a drug metabolizing enzyme and evaluating with the resultant information the relationship between a drug and a disease. Thus, the present invention has been achieved.

The present invention is as described below.

- 5 (1) A method for detecting a genetic polymorphism(s), comprising creating oligonucleotide probes and/or oligonucleotide primers so that the probes and/or primers contain a gene polymorphic site(s) present in a gene encoding a drug metabolizing enzyme or so that the polymorphic site(s) is/are contained in the amplified fragment when at least one of said gene encoding the drug metabolizing enzyme is amplified; and detecting at least one
10 genetic polymorphism in a gene of a subject encoding the drug metabolizing enzyme using the resultant oligonucleotide probes and/or oligonucleotide primers.

The oligonucleotide probe and/or oligonucleotide primer containing a gene polymorphic site is created so that the nucleotide positioned at its 5' or 3' end or its central part is the polymorphic site. The oligonucleotide probe containing a gene polymorphic site
15 is composed of two fragments being linked to each other, one fragment being hybridizable to the gene encoding a drug metabolizing enzyme and the other fragment being not hybridizable thereto, and said polymorphic site is positioned at the 5' or 3' end of the hybridizable fragment. The oligonucleotide probes and/or oligonucleotide primers containing a gene polymorphic site include an oligonucleotide comprising an at least 13 nucleotide
20 sequence within any of the nucleotide sequences as shown in SEQ ID NOS: 1 through 1380, said at least 13 nucleotide sequence containing the 21st nucleotide, or a sequence complementary to said at least 13 nucleotide sequence. The types of genetic polymorphisms include single-nucleotide polymorphism, polymorphism caused by deletion, substitution or insertion of a plurality of nucleotides, or VNTR or microsatellite
25 polymorphism.

(2) A method for evaluating a drug, wherein the effectiveness and safety of a drug metabolized by the drug metabolizing enzyme are evaluated based on the results obtained by the detection method according to the above method.

(3) A method for screening a drug, wherein the drug to be used is selected based
30 on the results obtained in the above evaluation method.

(4) A method for screening a drug, wherein the genetic polymorphism data associated with the gene encoding a drug metabolizing enzyme in a control subject is compared to the genetic polymorphism data associated with the same gene in a test subject, and wherein a drug to be used is selected from the results of an analysis of the effectiveness
35 and/or safety of the drugs metabolized by the drug metabolizing enzyme.

In the above detecting method, evaluating method or screening method, information of the genetic polymorphism includes polymorphic site is as shown in Table 1. Example of the drug metabolizing enzyme includes at least one, selected from the group consisting of epoxide hydrolase, methyltransferase, N-acetyltransferase, sulfotransferase, quinone oxidoreductase, glutathione S-transferase, UDP-glycosyltransferase, aldehyde dehydrogenase, alcohol dehydrogenase, esterase, NDUF, cytochrome P450 (CYP) and ATP-binding cassette.

(5) An oligonucleotide selected from the group consisting of the nucleotide sequences as shown in SEQ ID NOS: 1 through 1380 and sequences complementary thereto.

(6) An oligonucleotide created so that it contains information of the polymorphic site present in a gene encoding a drug metabolizing enzyme.

The above oligonucleotide is created so that the nucleotide positioned at its 5' or 3' end or its central part is the polymorphic site. The oligonucleotide is composed of two fragments being linked to each other, one fragment being hybridizable to the gene encoding a drug metabolizing enzyme and the other fragment being not hybridizable thereto, and said polymorphic site is positioned at the 5' or 3' end of the hybridizable fragment. Example of the oligonucleotide includes an oligonucleotide comprising an at least 13 nucleotide sequence within any of the nucleotide sequences as shown in SEQ ID NOS: 1 through 1380, said at least 13 nucleotide sequence containing the 21st nucleotide, or a sequence complementary to said at least 13 nucleotide sequence.

(7) A genetic polymorphism detection kit comprising the oligonucleotide described above.

[Mode for Carrying Out the Invention]

The present invention relates to a method for detecting a genetic polymorphism in a test subject using the genetic polymorphism data related to a drug metabolizing enzyme. The present invention analyzes the effectiveness, safety and strength of drugs metabolized by a drug metabolizing enzyme. The relationship between a disease and the drug to be evaluated is based on the results of the analysis. The genetic polymorphism data for the drug metabolizing enzyme is different for each patient with a given disease. Therefore, the effectiveness and safety of a specific drug depends on drug metabolism in the presence of certain genetic polymorphism data and the side effects in the presence of certain genetic polymorphism data. As a result, a physician can determine whether a certain drug should be used by a certain patient and can tailor drugs for use by a certain patient based on the genetic polymorphism data (so-called "made-to-order" treatments).

1. Genetic Polymorphism

Genetic polymorphism includes single nucleotide polymorphism, insertion/deletion polymorphism, and polymorphism caused by difference in the number of repetition of a nucleotide sequence. Generally, single nucleotide polymorphism (SNP) means a polymorphism caused by substitution of one specific nucleotide with other nucleotide in a gene or its complementary strand (complementary sequence) region. In the present invention, however, the term SNP also includes the polymorphism caused by substitution above as well as a polymorphism caused by deletion of the nucleotide and a polymorphism caused by addition of one more nucleotide to the nucleotide.

Insertion/deletion type polymorphism means a polymorphism caused by deletion or insertion of a plurality of nucleotides (e.g. two to several ten nucleotides). Sometimes, several hundred to several thousand nucleotides may be deleted or inserted. The polymorphism caused by difference in the number of repetition of a nucleotide sequence has repetition of a sequence of two to several ten nucleotides, and the number of this repetition varies among individuals. Those polymorphisms where the repeat unit consists of several to several ten nucleotides are called VNTR (variable number of tandem repeats) polymorphism, and those polymorphisms where the repeat unit consists of about two to four nucleotides are called microsatellite polymorphism. In VNTR or microsatellite polymorphisms, the number of such repetition is different among individuals' alleles, which results in acquisition of variation.

2. Drug Metabolizing Enzyme

"Drug metabolizing enzymes" refer to a group of enzymes that catalyze *in vivo* structural changes in exogenous materials including drugs. When used for clinical purposes, the group of metabolizing enzymes includes some endogenous materials. Because drug-metabolizing enzymes absorb, metabolize and secrete drugs, the polymorphism of an enzyme depends on the amount of enzyme expressed (transcription and translation) and the amount of activity. As a result, there are blood serum concentrations of both unchanged materials and metabolites.

Drug metabolizing enzymes expressed by the genes that are targeted for genetic polymorphism analysis in the present invention include, but are not limited to the following classes of enzymes:

- Epoxide hydrolases
- Methyltransferases
- N-acetyltransferases

Sulfotransferases

Quinone oxidoreductases

Glutathione S-transferases

UDP-glycosyltransferases

5 Aldehyde dehydrogenases

Alcohol dehydrogenases

Esterases

Ubiquinone dehydrogenases : NDUF

Cytochrome P450s (CYPs)

10 ATP-binding cassettes

ATP-binding cassettes

Other enzymes

(1) Epoxide hydrolases are enzymes that hydrolyze epoxide using a
15 trans-cleavage mechanism to produce 1,2-glycol. Examples include microsomal epoxide
hydrolase 1 and cytoplasmic epoxide hydrolase 2.

(2) Methyltransferases are enzymes that catalyze transmethylation in amino
groups, hydroxyl groups and thiol groups. Examples include the following.

Catechol-O-methyltransferase

20 Histamin-N-methyltransferase

Phenylethanolamine-N-methyltransferase

Phosphatidylethanolamine-N-methyltransferase

Nicotinamide-N-methyltransferase

Guanidinoacetate-N- methyltransferase

25 Acetylserotonin-O-methyltransferase

(3) N-acetyltransferases are enzymes that catalyze transacetylation in amino
groups, sulfonamide groups and hydrazine groups. Examples include the following.

Arylamine-N-acetyltransferase 1, 2

Arylalkylamine-N-acetyltransferase

30 N-acetyltransferase homologues of *Saccharomyces cerevisiae*

LI intracellular adhesion molecules

(4) Sulfotransferases are enzymes that contribute to sulfate conjugation and
catalyzes trans-sulfonylation in phenols, steroids, arylamines and biliary acid. Examples
include the following.

35 Sulfotransferase 1A1, 1A2, 1A3, 1C1, 1C2, 2A1, 2B1

Thyroid hormone sulfotransferase
 Tyrosyl protein sulfotransferase 1, 2
 Sulfotransferase-opening protein 3

Estrogen sulfotransferase

5 Cerebroside sulfotransferase

HNK-sulfotransferase 1

Carbohydrate sulfotransferase 2, 4, 5

(5) Quinone oxidoreductases are enzymes that catalyze the reduction of quinones such as o-quinone and p-quinone. Examples include the following.

10 NAD(P)H: Quinone oxidoreductase 1

NRH: Quinone oxidoreductase 2

Quinone oxide transferase homologue

(6) Glutathione S-transferases are enzymes that catalyze the conjugation of glutathione. Examples include the following.

15 Glutathione S-transferase Mu1, Mu2, Mu3, Mu4, Mu5

Glutathione S-transferase Z (zeta)

Glutathione S-transferase Π (pi)

Glutathione S-transferase 1 Theta 1, Theta 2

Microsomal Glutathione S-transferase 1

20 Microsomal Glutathione S-transferase 1-like 1

Microsomal Glutathione S-transferase 2, 3

Glutathione S-transferase Ha subunit 1, 2

Glutathione S-transferase A3, A4

(7) UDP-glycosyltransferases are enzymes that catalyze the contribution of glucuronic acid to functional groups such as hydroxyl groups, carboxyl groups, amino groups and thiol groups after their introduction in the 1st drug metabolism route. Examples include the following.

UDP-glycosyltransferase 1

UDP-glycosyltransferase 2 Family Polypeptide A1, B7, B10, B4, B11, B15, B17

30 UDP-glycosyltransferase 8

Dolichyl-diphospho-oligosaccharide protein glycosyl transferase

(8) Aldehyde dehydrogenases are enzyme that converts aldehydes into carboxylic acids. Examples include Aldehyde dehydrogenase 1 through 10.

(9) Alcohol dehydrogenases are enzymes that convert alcohols into aldehydes or ketones. Examples include the following.

Alcohol dehydrogenase 1 through 7

Hydroxy-CoA-dehydrogenase

Short-chain alcohol dehydrogenase family genes

(10) Esterases are enzymes that hydrolyze some esters. Examples include the

5 following.

Arylacetoamide deacetylase

Granzyme A

Granzyme B

Interleukin 17

10 Ubiquitin carboxyl-terminal esterase L1, 3

Carboxyl esterase 1

Lipase A

Esterase D-formylglutathione hydrolase

Carboxylester lipase

15 (11) Ubiquinone dehydrogenases (NDUF) are enzymes that support energy metabolism, *e.g.*, as in the mitochondrial respiratory chain. Examples include NADH-dehydrogenase 1 α -subunit 1 through 10

(12) Cytochrome P450s (CYPs) are enzymes that regulate 1st drug metabolism and introduce oxygen atoms to the drug. Examples include following.

20 Cytochrome P450 (CYP) 1A1, CYP 1A2, CYP 2A6, CYP 2B6, CYP 2C8, CYP 2C18, CYP 2C9, CYP 2C19, CYP 2E1, CYP 2D6, CYP 2E1, CYP 2F1, CYP 3A3, CYP 3A4, CYP 3A7, CYP 3A43, CYP 4A11, CYP 4B1, CYP 4F2, CYP 4F3, CYP 4F8, CYP 11B1, 2, CYP 17, CYP 19, CYP 21A2, CYP 27.

25 (13) ATP-binding cassettes/transporter absorb the drug and adjust the interstitial concentration with a transporter. Examples include the following.

ATP-Binding Cassette Subfamily A Members 1 through 6 and 8

ATP-Binding Cassette Subfamily B Members 1 through 11

ATP-Binding Cassette Subfamily C Members 1 through 6 and 8 through 10

ATP-Binding Cassette Subfamily D Members 1 through 4

30 ATP-Binding Cassette Subfamily E Member 1

ATP-Binding Cassette Subfamily F Members 1 through 3

ATP-Binding Cassette Subfamily G Member 1

(14) Other enzymes include gamma glutamyl transferase 1 and transglutaminase 1.

35

3. Information on Genetic Polymorphisms

Genetic polymorphism data can be obtained using any general genetic polymorphism detection method. Examples include PCR methods hybridization methods using an allele-specific oligonucleotide matrix (e.g., TaqMan PCR method, Invader assay method), primer extension reaction methods, sequencing methods, MALDI-TOF/MS methods and the DNA chip methods, etc. PCR methods or sequencing methods are applicable to detection of any genetic polymorphisms and the other methods are applicable to detection of SNP.

TaqMan PCR is a method using PCR reaction with a fluorescence-labeled, allele-specific oligo(s) and Taq DNA polymerase (Livak, K.J. *Genet. Anal.* 14, 143 (1999); Morris T. et al., *J. Clin. Microbiol.* 34, 2933 (1996)). The invader method is a method in which the hybridization of two reporter probes specific to respective alleles of SNP and one invader probe to the template DNA is combined with DNA cleavage by an enzyme having a special endonuclease activity of cleaving upon recognition of DNA structure (for example, see Livak, K. J. *Biomol. Eng.* 14, 143-149 (1999); Morris T. et al., *J. Clin. Microbiol.* 34, 2933 (1996); Lyamichev, V. et al., *Science*, 260, 778-783 (1993)).

As methods using primer extension reaction, SniPer method may be employed, for example. The basic principle of SniPer method is a technique called RCA (rolling circle amplification) method in which DNA polymerase moves on a circular single-stranded DNA as a template to thereby synthesize a complementary strand thereto continuously. According to this method, SNP may be judged by detecting the presence or absence of a coloring reaction that occurs when DNA amplification takes place (Lizardi, P. M. et al., *Nature Genet.*, 19, 225-232 (1998); Piated, A. S. et al., *Nature Biotech.*, 16, 359-363 (1998)).

The sequencing method refers to methods in which polymorphism-containing areas are amplified by PCR and the DNA sequences of the amplified products are sequenced with Dye Terminator or the like to thereby analyze the frequency of genetic polymorphisms (especially SNPs).

MALDI-TOF/MS method is a method using a mass spectrometer. Basically, this is a method for SNP genotyping utilizing the difference in mass of different nucleotides. There are methods using PCR amplification and methods using multiplex (Haff, L.A., Smirnov, I.P., *Genome Res.*, 7, 378- (1997); Little, D.P. et al. *Eur. J. Clinica. Chem. Clin. Biochem.*, 35, 545- (1997); Ross, P., et al. *Nat Biotechnol.*, 16, 1347- (1998)).

The DNA chip method is a method in which a large variety of DNA probes are aligned and immobilized on a baseboard such as glass; then, hybridization of a labeled DNA is performed thereon; and perfect match and one-nucleotide-mismatch are detected

discriminably by using a method of detecting the label signal (such as fluorescence) on the probe.

The information on genetic polymorphisms, in particular information on SNPs, which may be used in the method of the present invention is as shown in Table 1 below.

5 [Table 1]

In Table 1, the "Designation of Gene" column shows the designations of the genes encoding receptors. The nucleotides expressed with capital letters in the "Sequence" column are the SNP information. The two nucleotides on both sides of the mark "/" represent a homozygous or heterozygous SNP of the nucleotide. For example, "A/G" means that the allele is A/A or G/G homozygote or A/G heterozygote. The sequences in this Table basically represent 20 nucleotides each before and after the SNP. However, the nucleotide in parentheses [e.g. (T) in No. 26 of ABCB4] represents a polymorphism caused by insertion. The mark of open triangle (e.g. see No. 10 of NAT2) means a polymorphism caused by deletion of one nucleotide. In the nucleotide sequence in SEQ ID NO:674, n means VNTR and represents repeat sequence consisting of (cctgy)x (X represents integer of 1 to 50).

The "Location" shows the location of SNP in the genome. The locations of SNPs in 5' flanking region, intron regions and 3' flanking region are counted taking the first nucleotide located immediately to the exon/intron junction as position 1 of the nucleotide sequence of the intron. The locations of SNPs in exon region are counted taking the first nucleotide located immediately to the exon/intron junction as position 1 of the nucleotide sequence of the exon. Numbers with "+" mark or without any mark mean that they are counted toward the 3' end of the gene; numbers with "-" mark mean that they are counted toward the 5' end of the gene. The numbers appearing in the "No." column correspond to the numbers appearing in respective gene maps (Figs. 9-95) which show the locations of SNPs.

4. Preparation of Oligonucleotide Probes or Oligonucleotide Primers

Oligonucleotides which are used in the detection method of the present invention as primers and/or probes may be prepared based on the nucleotide sequences described in Table 1 (SEQ ID NOS: 1-1380), for example, when SNPs are to be detected, and these sequences *per se* may be synthesized, or primers and/or probes may be designed and synthesized so that they contain a part of these sequences. However, it should be noted here that the nucleotide sequences of such primers or probes must contain an SNP (the portion indicated in capital

letters in the "Sequence" column in Table 1). The present invention also includes complementary strands to such sequences.

A primer or probe is designed so that an SNP site is located at the 3' or 5' end of the nucleotide sequence; or a primer or probe is designed so that an SNP site is located within
5 four nucleotides, preferably two nucleotides, from the 3' or 5' end of its nucleotide sequence. Alternatively, a primer or probe is designed so that an SNP site is located at the center of the full-length nucleotide sequence of the oligonucleotide. The "center" refers to a central region where the number of nucleotides counted from there toward the 5' end and the number of nucleotides counted from there toward the 3' end are almost equal. If the
10 number of nucleotides of the oligonucleotide is an odd number, the "center" is the central five nucleotides, preferably the central three nucleotides, more preferably the single nucleotide at the very center. For example, if the oligonucleotide consists of 41 nucleotides, the "center" is from position 19 to position 23 nucleotides, preferably from position 20 to position 22 nucleotides, more preferably the nucleotide at position 21. If the number of
15 nucleotides of the oligonucleotide is an even number, the "center" refers to the central four nucleotides, preferably the central two nucleotides. For example, if the oligonucleotide consists of 40 nucleotides, the "center" is from position 19 to position 22 nucleotides, preferably the nucleotide at position 20.

The length of the nucleotide sequence is designed so that at least 13 nucleotides,
20 preferably 13 to 60 nucleotides, more preferably 15 to 40 nucleotides, and most preferably 18-30 nucleotides are contained. This oligonucleotide sequence may be used as a probe for detecting a target gene, and it may be used as either a forward (sense) primer or a reverse (antisense) primer.

The oligonucleotide used in the invention may be an oligonucleotide composed of
25 two regions connected in tandem, one region being hybridizable to the genomic DNA and the other region being not hybridizable thereto. The order of connection is not particularly limited; either region may be located upstream or downstream. The hybridizable region of this oligonucleotide is designed based on the information on SNP-containing sequences described in Table 1. The oligonucleotide is prepared so that the nucleotide located at the 5' or 3' utmost end of the region hybridizable to the genomic DNA corresponds to an SNP of
30 interest. The region of the above oligonucleotide not hybridizable to the genomic DNA is designed at random so that it does not hybridize to the SNP-containing sequence described in Table 1. This oligonucleotide may be used as a probe mainly for detecting SNPs in the invader method.

35 Further, the primer used in the present invention is designed so that a nucleotide

sequence given in Table 1 contains a SNP when amplified by PCR for the purposes of examining functional changes resulted from the SNP, judging the efficacy or non-efficacy, and examining the occurrence of side effect. The length of the primer is designed so that at least 15 nucleotides, preferably 15 to 30 nucleotides, more preferably 18 to 24 nucleotides are contained in the primer. The primer sequence is appropriately selected from the template DNA so that the amplified fragment has a length of 500 bp or less, preferably 100 to 300 bp, more preferably 100 to 150 bp.

The thus designed oligonucleotide primers or probes may be synthesized chemically according to known techniques. Usually, such primers or probes are synthesized with a commercial chemical synthesizer.

It is also possible to label probes with fluorescent substances (e.g. FAM, VIC, Cy3, etc.) in advance to thereby automate detection procedures.

The above-described oligonucleotide may be included in a genetic polymorphism detection kit together with polymerases (e.g. Taq polymerase), buffers (e.g. Tris buffer), dNTPs and fluorescent dyes such as VIC, FAM.

5. Detection

Using the oligonucleotides prepared as described above as primers, a gene encoding a drug metabolizing enzyme (template DNA) is amplified with a DNA polymerase. Alternatively, the probe prepared as described above is hybridized to template DNAs to thereby detect those DNAs having the genetic polymorphism of interest. The template DNA may be prepared according to conventional methods, e.g. cesium chloride gradient centrifugation, the SDS lysis method, or phenol/chloroform extraction.

(1) Detection by PCR

Amplification may be performed by polymerase chain reaction (PCR). Specific examples of useful DNA polymerase include LA Taq DNA polymerase (Takara), Ex Taq polymerase (Takara), Gold Taq polymerase (Perkin Elmer), AmpliTaq (Perkin Elmer), Pfu DNA polymerase (Stratagene) and the like.

Amplification conditions are as follows. Denaturation step at 85-105°C for 10-40 seconds, preferably at 94°C for 20-30 seconds; annealing step at 50-72°C for 30 seconds to 1 minute, preferably at 60°C for 20 seconds to 1 minutes; and extension step at 65-75°C for 1-4 minutes, preferably at 72°C for 2-3 minutes constitute one cycle, and 30 to 40 cycles are performed. However, in order to denature the template DNA and the primers sufficiently, a denaturation step of at 95°C for 1-5 minutes [if Gold Taq polymerase (Perkin Elmer) is used, at least 8-15 minutes, preferably 10-12 minutes] may be added before the start of the

above-described amplification cycles. Also, in order to extend the amplified DNA completely, an extension step of at 72°C for 1-10 minutes may be added after the above amplification cycles. Moreover, if the detection of the amplified product is not performed immediately, it is desirable to add a step of storing the amplified product at 4°C to avoid
 5 unspecific amplification. Thus, a gene encoding a receptor can be amplified.

Subsequently, the amplified product is subjected to agarose gel electrophoresis, followed by staining with ethidium bromide, SYBR Green solution or the like to thereby detect the amplified product as a band or two to three bands (DNA fragments). Thus, a part of a gene encoding a drug metabolizing enzyme, containing a genetic polymorphism can be
 10 detected as a DNA fragment. Instead of agarose gel electrophoresis, polyacrylamide gel electrophoresis or capillary electrophoresis may be performed. It is also possible to perform PCR using primers labeled in advance with a substance such as fluorescent dye and to detect the amplified product. A detection method which does not require electrophoresis may also be employed; in such a method, the amplified product is bound to a solid support
 15 such as a microplate, and a DNA fragment of interest is detected by means of fluorescence, enzyme reaction, or the like.

(2) Detection by TaqMan PCR

TaqMan PCR is a method using PCR reaction with fluorescently labeled allele-specific oligos and Taq DNA polymerase. The allele-specific oligo used in TaqMan
 20 PCR (called "TaqMan probe") may be designed based on the SNP information described above. The 5' end of TaqMan probe is labeled with fluorescence reporter dye R (e.g. FAM or VIC), and at the same time, the 3' end thereof is labeled with quencher Q (quenching substance) (Fig. 1). Thus, under these conditions, fluorescence is not detectable since the quencher absorbs fluorescence energy. Since the 3' end of TaqMan probe is phosphorylated,
 25 no extension reaction occurs from TaqMan probe during PCR reaction (Fig. 1). However, when PCR reaction is performed using this TaqMan probe together with Taq DNA polymerase and primers designed so that an SNP-containing region is amplified, the reaction described below occurs.

First, a TaqMan probe hybridizes to a specific sequence in the template DNA (Fig. 30 2a), and at the same time, an extension reaction occurs from a PCR primer (Fig. 2b). At this time, Taq DNA polymerase having 5' nuclease activity cleaves the hybridized TaqMan probe as the extension reaction of PCR primer proceeds. When the TaqMan probe has been cleaved, the fluorescent dye becomes free from the influence of the quencher. Then, fluorescence can be detected (Fig. 2c).

35 For example, as shown in Fig. 3, two alleles are supposed: one allele has A at the

SNP site (allele 1) and the other allele has G at the SNP site (allele 2). A TaqMan probe specific to allele 1 is labeled with FAM and another TaqMan probe specific to allele 2 is labeled with VIC (Fig. 3). These two allele specific oligos are added to PCR reagents, and then TaqMan PCR is performed with a template DNA whose SNP is to be detected.

5 Subsequently, fluorescence intensities of FAM and VIC are determined with a fluorescence detector. When the SNP site of the allele is complementary to the site within TaqMan probe corresponding to the SNP, the probe hybridizes to the allele; and Taq polymerase cleaves the fluorescent dye of the probe, which becomes free from the influence of the quencher. As a result, fluorescence intensity is detected.

10 If the template is a homozygote of allele 1, strong fluorescence intensity of FAM is recognized but the fluorescence of VIC is hardly recognized. If the template is a heterozygote of allele 1 and allele 2, fluorescence of both FAM and VIC can be detected.

(3) SNP Detection by the Invader Method

The invader method is a method for detecting SNPs by hybridizing allele-specific

15 oligos to the template. In the invader method, two unlabeled oligos and one fluorescently labeled oligo are used. One of the two unlabeled oligos is called an "allele probe". The allele probe is composed of a region which hybridizes to the genomic DNA (template DNA) to form a complementary double strand, and a region (called "flap") which has a sequence entirely unrelated to the sequence of the template DNA and thus does not hybridize to the

20 genomic DNA. A nucleotide located at the 5' or 3' utmost end of the hybridizable region corresponds to the SNP (Fig. 4a). The above-described flap sequence is an oligonucleotide having a sequence complementary to a FRET probe described later. The other oligo is called an "invader probe". This oligo is designed so that it hybridizes complementarily from the SNP site toward the 3' end of the genomic DNA (Fig. 4b). However, the

25 nucleotide corresponding to the SNP ("N" in Fig. 4b) may be any nucleotide. Thus, when the genomic DNA (the template) is hybridized to the above-described two probes, one nucleotide (N) of the invader probe invades into the SNP position (Fig. 4c) forming a triple strand at the SNP site.

On the other hand, the fluorescently labeled oligo has a sequence completely

30 unrelated to the allele. This sequence is common regardless of the types of SNPs. This probe is called a "FRET" probe (fluorescence resonance energy transfer probe) (Fig. 5). The nucleotide at the 5' end of FRET probe (reporter) is labeled with fluorescent dye R, while quencher Q is linked upstream of the reporter. Therefore, under these conditions, the quencher absorbs the fluorescent dye and no fluorescence is detectable. A certain region of

35 the FRET probe starting from the 5' end reporter nucleotide (designated "region 1") is also

designed so that it is complementary to a certain region of the probe located 3' to region 1 (designated "region 2") when region 1 and region 2 are faced with each other. Therefore, region 1 and region 2 form a complementary strand within the FRET probe (Fig. 5). Also, the region located toward 3' end of this complementary strand forming region is designed so that it hybridizes to the flap of the allele probe to thereby form a complementary strand (Fig. 5).

In the invader method, an enzyme called cleavase is used which is one of enzymes (5' nucleotidases) having a unique endonuclease activity of cleaving upon recognition of a special structure of DNA. Cleavase is an enzyme which cleaves the allele probe at a point immediately 3' to the SNP site when the genomic DNA, the allele probe and the invader probe form a triple strand at the SNP site. Therefore, when three nucleotides form a triple strand as shown in Fig. 4c, cleavase recognizes the 5' flap and cuts off this flap. As a result, the structure of this SNP site is recognized by cleavage (Fig. 6a), and the allele probe is cut at the site of its flap to liberate the flap (Fig. 6b). Subsequently, the flap liberated from the allele probe complementarily binds to the FRET probe since it has a sequence complementary to the FRET probe (Fig. 6c). At this time, the SNP site of the flap invades into the portion of the FRET probe which has already formed a complementarily bound region. Cleavase again recognizes this structure and cuts off the nucleotide labeled with the fluorescent dye. The thus cleaved fluorescent dye becomes free from the influence of the quencher and emits fluorescence (Fig. 6d). When the SNP does not match the nucleotide corresponding to the SNP in the allele probe, a specific DNA structure recognizable by cleavase is not formed as seen in Fig. 7. Thus, the probe is not cleaved and no fluorescence is detected.

For example, when an SNP is T/C, an invader probe and an allele probe for T, and a FRET probe with a FAM-linked reporter corresponding to the SNP are prepared. Separately, an invader probe and an allele probe for C, and a FRET probe with a VIC-linked reporter corresponding to the SNP are also prepared. Then, all of them are mixed to carry out SNP detection. As a result, if the SNP is T/T homozygous, the fluorescence of FAM is emitted; if the SNP is C/C homozygous, the fluorescence of VIC is emitted; and if the SNP is T/C heterozygous, the fluorescence of both FAM and VIC is emitted. Since FAM and VIC have different fluorescent wavelengths, they can be discriminated.

(4) Detection by SniPer Method

In order to detect SNPs by SniPer method, it is possible to discriminate alleles by examining the presence or absence of amplification by RCA. Briefly, the genomic DNA to be used as a template is linearized. Then, a probe is hybridized to this genomic DNA.

When the probe sequence and the sequence of the genomic DNA as a template are complementary to each other and form a complementary strand, the genomic DNA can be converted into a circular DNA through ligation reaction. As a result, RCA of the circular DNA proceeds. On the other hand, when the ends of the probe do not match with the genomic DNA, the DNA is not ligated to become a circular DNA. Thus, RCA reaction does not proceed. Therefore, in Sniper method, a single-stranded probe which anneals with the genomic DNA and is circularizable is designed. This single-stranded probe is called a padlock probe. The sequences of the two ends of this padlock probe are designed so that they correspond to the SNP to be detected. Then, this padlock probe and the genomic DNA are mixed for ligation. If the two ends of the padlock probe and the SNP site of the genomic DNA are complementary to each other, the two ends of the padlock probe are joined by ligation, yielding a circular probe. If the two ends of the padlock probe and the SNP site of the genomic DNA are not complementary to each other, the probe does not become circular. Therefore, only those padlock probes which are complementary to the SNP to be detected become circular and are amplified by DNA polymerase. By detecting the presence or absence of this amplification, SNP may be detected. For the detection, synthetic oligonucleotides which have a fluorescent dye and a quencher at their respective ends and also have a hairpin structure are used.

(5) Detection by MALDI-TOF/MS Method

MALDI-TOF/MS (Matrix Assisted Laser Desorption-Time of Flight/Mass Spectrometry) is a method using a mass spectrometer in SNP typing. This method is composed of the following steps.

(i) PCR Amplification and Purification of SNP-Containing DNA Fragments

PCR primers are designed so that there is no overlapping between them and the nucleotides of SNP site. Then, DNA fragments are amplified. The amplified fragments are purified from the amplification reaction product by treatment with exonuclease, alkaline phosphatase, etc. to remove primers, dNTPs, etc.

(ii) Primer Extension (Thermal Cycling) and Purification

Ten-fold or more primers are added to the template of the target region (which is the PCR product), and primer extension is performed by thermal cycling. The primers used here are designed so that their 3' ends are adjacent to the nucleotide of the SNP site. The length of the primer is 15 to 30 nucleotides, preferably 20 to 25 nucleotides. When multiplex reaction is performed, a sequence not complementary to the template is added to the 5' end. Thermal cycling is performed between the two temperatures of at 85-105°C (preferably 94°C) and at 35-40°C (preferably 37°C) for 20 to 30 cycles (preferably 25 cycles).

The resultant reaction products are purified with a purification kit or the like to make them fit for mass spectrometer.

(iii) Mass Spectrometry of DNA with Mass Spectrometer

The purified extension reaction product is applied to a mass spectrometer to determine the mass of the objective product. Briefly, the purified product is mixed with a matrix, and 0.5-1.0 μ l of the mixture is spotted on MALDI plate. After drying the plate, laser light is applied to the sample to prepare spectrograms.

6. Evaluation of Drugs

In the present invention, it is possible to evaluate the efficacy and safety of a drug intermediated by the receptor, from the results of detection of SNP and like that obtained as described above.

Evaluation of drugs may be performed by typing system. Briefly, according to any one of the detection methods described above, allele frequencies between toxicity (side effect) occurrence group and non-occurrence group are compared. A polymorphism which brings about difference in allele frequencies between the two groups is selected as a marker for recognizing the occurrence of toxicity. As a statistical test, usually chi square test is carried out, but other statistical processing such as Fisher test may also be used. The active components (altered and metabolized drug components) in the drug will be reflected in blood and tissue concentrations. With respect to all genetic polymorphisms, the relation of cause and effect with the action or toxicity is examined. Then, only those genetic polymorphism sites that show correlation with the action or toxicity are selected. Allele pattern can be examined by preparing in advance all probes or primers for analyzing the genetic polymorphisms and reagents necessary for each technique in reaction plates, cards, glass baseboards or the like, and adding thereto the genomic DNA of a human subject for reaction. When the subject has a genetic polymorphism which has correlation with the toxicity, it is possible to predict whether the drug exhibits toxicity in that subject. The efficacy of a drug may be evaluated in a similar manner. Also, genetic polymorphisms which correlate with side effect or efficacy vary depending on drugs. Therefore, by conducting typing using correlating genetic polymorphisms for each drug, it becomes possible to predict the efficacy or side effect of the relevant drug.

Using this, the frequency of the relevant genetic polymorphism is compared with efficacy/non-efficacy or presence/absence of side effect. When there is difference in allele frequency, a judgment on the relevant drug can be made.

For example, if the results of analysis of an SNP in persons who showed toxicity

(side effect) upon administration of drug A have revealed statistically that 90% of those persons have T/T (e.g. fluorescence intensity of FAM was detected), and if the results of analysis of the SNP in persons who did not show toxicity (side effect) have revealed that only 10% of those persons have T/T and 90% of them have C/C, drug A can be evaluated that it should not be administered to persons with T/T.

7. Screening for Drugs.

In the present invention, the genetic polymorphism data obtained as described above is compared to genetic polymorphism data from genes encoding certain drug metabolizing enzymes to indicate the safety and effectiveness of drugs metabolized by these drug metabolizing enzymes. Therefore, the genetic polymorphism data obtained using the method of the present invention can be used to determine the likely effectiveness of certain drug therapies and to select the appropriate drug.

As a method, the evaluation method described in "5. Evaluation of Drugs" may be used. Genetic polymorphisms with correlations to side-effects and effectiveness are said to be influenced by the activation, transfer and translation of certain enzymes. The cause and effect relationship with the side-effect or effectiveness expression mechanism may be indirect. The metabolization of drugs is being studied by pharmaceutical companies in laboratory and clinical testing. If there are genetic polymorphisms in enzyme genes correlating with severe side-effects, they can be removed and used under different conditions. The same is true of effectiveness. Drugs can be screened, therefore, using side-effects and effectiveness data.

Further, by conducting genetic polymorphism frequency analysis on cases of volunteers with side effect occurrence and cases without side effect occurrence in clinical tests (from phase I to phase III tests), it becomes possible to detect new genetic polymorphisms other than the above-mentioned polymorphism which correlate with side effect or efficacy. By examining such polymorphisms in the same manner as described above, drug screening becomes possible.

[Examples]

Hereinbelow, the present invention will be described more specifically with reference to the following Example. However, the technical scope of the present invention is not limited to the Example.

[EXAMPLE 1] Obtaining SNP Information

(1) DNA Extraction

Blood samples were collected in the presence of EDTA from 48 individuals who have no kinship relation with one another. DNA extraction was carried as described below according to the method described in "Genome Analysis Laboratory Manual" (Yusuke Nakamura (ed.), Springer Verlag Tokyo).

5 Blood sample (10 ml) was transferred to a 50 ml Falcon tube and centrifuged at room temperature at 3000 rpm for 5 minutes. After removal of the supernatant (serum) with a pipette, 30 ml of RBC lysis buffer (10mM NH_4HCO_3 , 144mM NH_3Cl) was added and mixed until the precipitate became loosened. Then, the mixture was left at room temperature for 20 minutes. After centrifugation at room temperature at 3000 rpm for 5
10 minutes, the supernatant (serum) was discarded with a pipette to obtain a pellet of white blood cells. RBC lysis buffer (30 ml) was added thereto, and the above-described operations were repeated twice. To the resultant white blood cell pellet, 4 ml of Proteinase K buffer (50mM Tris-HCl (pH7.4), 100mM NaCl, 1mM EDTA (pH8.0)), 200 μl of 10% SDS, and 200 μl of 10 mg/ml Proteinase K were added and mixed by inversion. The
15 resultant mixture was left overnight stationery at 37°C. Subsequently, 4 ml of phenol was added to the mixture, which was then mixed slowly by inversion for 4 hours in a rotator (Rotator T-50, Taitec). After centrifugation at room temperature at 3000 rpm for 10 minutes, the resultant upper layer was collected into a fresh tube. Four milliliters of phenol/chloroform/isoamyl alcohol (25:24:1 in volume ratio) was added to the tube and
20 mixed by inversion for 2 hours in the same manner as described above. Then, the mixture was centrifuged. The resultant upper layer was collected into a fresh tube, to which 4 ml of chloroform/isoamyl alcohol (24:1 in volume ratio) was added and mixed by inversion for 30b minutes in the same manner as described above. Then, the mixture was centrifuged. The resultant upper layer was collected into a fresh tube, to which 400 μl of 8M ammonium acetate and 4 ml of isopropanol were added and mixed by inversion. Thread-like white
25 deposit (DNA) was recovered into a 2 ml tube, to which 70% ethanol (1 ml) was added and mixed by inversion. The DNA was recovered into a fresh 2 ml tube and air-dried. Then, 500 μl of TE solution (10mM Tris-HCl (pH7.4), 1mM EDTA (pH7.4)) was added for lysis, to thereby obtain a genomic DNA sample.

30 (2) PCR

Genomic sequences were obtained from GenBank DNA database. After removal of repeat sequences using RepMask computer program, PCR primers were designed so that PCR products have a length of about 1 kb. As genomic DNA, DNA samples obtained from 48 individuals who have no kinship relation with one another and prepared to have the same
35 concentration were used. DNA samples derived from three individuals each were mixed in

a tube in equal amounts. Of this mixture, 60 ng was used in PCR. PCR was performed with Ex-Taq (2.5 U; Takara) using GeneAmp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems). Following a reaction at 94°C for 2 minutes, 35 cycles of denaturation at 94°C for 30 seconds, annealing at 60°C or 55°C for 30 seconds and extension at 72°C for 1 minute were performed.

(3) Sequencing

PCR products were purified with ArrayIt (Telechem) and subjected to sequencing reaction using BigDye Terminator RR Mix (PE Applied Biosystems). Briefly, following a reaction at 96°C for 2 minutes, 25 cycles of denaturation at 96°C for 20 seconds, annealing at 50°C for 30 seconds and extension at 60°C for 4 minutes were performed using GeneAmp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems). After the sequencing reaction, sequences were analyzed with ABI PRISM 3700 DNA Analyzer.

(4) Detection of SNPs

PolyPhred computer program (Nickerson et al., 1997, *Nucleic Acids Res.*, 25, 2745-2751) was used for the detection and analysis of SNPs.

(5) Results

The results as shown in Table 1 were obtained on SNPs. Figs. 9 to 95 show the designations, abbreviations and GenBank database Accession Nos. of the analyzed drug metabolizing enzyme, the structures of the genes encoding them, and the locations of SNPs. In Figs. 9 to 95, exons are indicated as open boxes or black lines on the relevant gene expressed as a horizontal line. The locations of SNPs are indicated above the gene with solid lines provided with numbers.

[Example 2]

Typing was performed on two different groups of patients using the INVADER assay. Results are shown in FIG. 57. In FIG. 57, the x-axis (Allele 1) indicates the intensity of the FAM fluorescent light corresponding to T, and the x-axis (Allele 2) indicates the intensity of the VIC fluorescent light corresponding to C. The slanted line indicates the SNP pattern for T/T, the black circles denote the pattern for C/C, and the white circles denote the pattern for T/C. The black squares indicate the background values. The x marks indicate where the detection failed. The group of patients in the graph for panel A (top) had many C/C SNP patterns and the group of patients in the graph for panel B (bottom) had many T/T SNP patterns.

[Example 3] SNP Detection

Genome DNA was extracted from five unrelated people using the method described in Example 1, and the SNPs in three different drug metabolizing enzyme genes (EPHX1, ABCB2, AANAT) were detected using the INVADER assay method. The INVADER oligonucleotides and probes were designed using base sequence No. 3 (SEQ ID NO: 49) and No. 17 (SEQ ID NO: 63) in the case of EPHX1, base sequence No. 4 (SEQ ID NO: 4) and No. 11 (SEQ ID NO: 11) in the case of ABCB2, and base sequence No. 3 (SEQ ID NO: 561) in the case of AANAT. The positions of the SNPs are shown in Table 1.

The results are shown in Table 2.

Table 2

Drug Metabolizing Enzyme Gene	EPHX1		ABCB2		AANAT
	No. 3	No. 17	No. 4	No. 11	No. 3
	SEQ. ID No. 49	SEQ. ID No. 63	SEQ. ID No. 4	SEQ. ID No. 11	SEQ. ID No. 561
SNP	(T/G)	(A/G)	(G/T)	(G/A)	(T/A)
Subject I	T/T	A/G	T/T	G/A	T/T
Subject II	T/T	A/A	G/G	G/G	T/A
Subject III	T/G	A/A	G/G	A/A	T/T
Subject IV	G/G	A/G	G/T	G/G	T/T
Subject V	T/G	A/G	G/T	G/A	T/A

As shown in Table 2, the SNPs in the drug metabolizing genes of patients can be detected and the patterns determined using the method of the present invention.

[Effect of the Invention]

According to the present invention, methods for analyzing SNPs are provided. According to the methods of the invention, it becomes possible to select appropriate drugs for target diseases. Thus, the methods of the invention are extremely useful.

[SEQUENCE LISTING]

[SEQUENCE LISTING FREE TEXT]

SEQ ID NO 580 : n represents a or deletion (Location 21).

SEQ ID NO 634 : n represents a or deletion (Location 21).

SEQ ID NO 656 : n represents a or deletion (Location 21).

SEQ ID NO 658 : n represents c or deletion (Location 21).

SEQ ID NO 671 : n represents a or deletion (Location 21).

SEQ ID NO 672 : n represents g or deletion (Location 21).

- SEQ ID NO 673 : n represents c or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 674 : n represents (cctgy)_x (Location 21).
 SEQ ID NO 676 : n represents gaa or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 677 : n represents ag or deletion (Location 21).
 5 SEQ ID NO 808 : n represents ag or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 809 : n represents ta or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 830 : n represents ca or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 831 : n represents ag or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 890 : n represents t or deletion (Location 21).
 10 SEQ ID NO 913 : n represents t or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 932 : n represents t or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 933 : n represents t or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 955 : n represents at or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 956 : n represents a or deletion (Location 21).
 15 SEQ ID NO 957 : n represents c or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 999 : n represents gtt or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1166 : n represents c or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1167 : n represents t or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1168 : n represents t or deletion (Location 21).
 20 SEQ ID NO 1175 : n represents c or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1200 : n represents a or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1248 : n represents t or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1251 : n represents a or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1252 : n represents tgt or deletion (Location 21).
 25 SEQ ID NO 1260 : n represents t or deletion (Location 21).
 SEQ ID NO 1309 : n represents a or deletion (Location 21).

[Brief Description of Drawings]

- Figure 1 shows TaqMan probes.
 30 Figure 2 represents an outline of the TaqMan PCR method.
 Figure 3 shows probes labeled with fluorescent dyes.
 Figure 4 shows an outline of the INVADER assay.
 Figure 5 shows a FRET probe.
 Figure 6 shows an outline of the INVADER assay.
 35 Figure 7 shows a probe in which the allele does not match the probe.

Figure 8 shows one embodiment of allele identification using a ligation reaction.

Figure 9 shows a structure of ATP-binding cassette subfamily B member 2 (ABCB2) gene and the SNP location therein.

Figure 10 shows a structure of ATP-binding cassette subfamily B member 4 (ABCB4) gene and the SNP location therein.

Figure 11 shows a structure of microsomal epoxide hydrolase 1 (EPHX1) gene and the SNP location therein.

Figure 12 shows a structure of cytoplasmic epoxide hydrolase (EPHX2) gene and the SNP location therein.

Figure 13 shows a structure of guanidinoacetate N-methyl transferase (GAMT) gene and the SNP location therein.

Figure 14 shows a structure of nicotinamide N-methyl transferase (NNMT) gene and the SNP location therein.

Figure 15 shows a structure of phenyl ethanolamine N-methyl transferase (PNMT) gene and the SNP location therein.

Figure 16 shows a structure of phosphatidylethanolamine N-methyl transferase (PEMT) gene and the SNP location therein.

Figure 17 shows a structure of glutathione S transferase 3 (GSTM3) gene and the SNP location therein.

Figure 18 shows a structure of aldehyde dehydrogenase 5 (ALDH5) gene and the SNP location therein.

Figure 19 shows a structure of transglutaminase 1 (TGM1) gene and the SNP location therein.

Figure 20 shows a structure of gamma-glutamyl transferase 1 (GGT1) gene and the SNP location therein.

Figure 21 shows a structure of NAD (P)H: quinone oxidoreductase 1 (NQO1) gene and the SNP location therein.

Figure 22 shows a structure of p53-inducible gene 3 (PIG3) in a quinone oxidoreductase homolog and the SNP location therein.

Figure 23 shows a structure of NRH: quinone oxidoreductase 2 (NQO2) gene and the SNP location therein.

Figure 24 shows a structure of sulfotransferase 1A1 (SULT1A1/STP1) gene and the SNP location therein.

Figure 25 shows a structure of sulfotransferase 1A2 (SULT1A2/STP2) gene and the SNP location therein.

Figure 26 shows a structure of sulfotransferase-associated protein 3 (SULTX3) gene and the SNP location therein.

Figure 27 shows a structure of tyrosyl protein sulfotransferase 1 (TPST1) gene and the SNP location therein.

5 Figure 28 shows a structure of tyrosyl protein sulfotransferase 2 (TPST2) gene and the SNP location therein.

Figure 29 shows a structure of sulfotransferase 1A3 (SULT1A3/STM/HAST) gene and the SNP location therein.

10 Figure 30 shows a structure of cerebroside sulfotransferase (CST) gene and the SNP location therein.

Figure 31 shows a structure of sulfotransferase 1C1 (SULT1C1) gene and the SNP location therein.

Figure 32 shows a structure of sulfotransferase 1C2 (SULT1C2) gene and the SNP location therein.

15 Figure 33 shows a structure of thyroid hormone sulfotransferase (ST1B2) gene and the SNP location therein.

Figure 34 shows a structure of carbohydorate sulfotransferase 2 (CHST2) gene and the SNP location therein.

20 Figure 35 shows a structure of sulfotransferase 2A1 (SULT2A1) gene and the SNP location therein.

Figure 36 shows a structure of sulfotransferase 2B1 (SULT2B1) gene and the SNP location therein.

Figure 37 shows a structure of carbohydorate sulfotransferase 4 (CHST4) gene and the SNP location therein.

25 Figure 38 shows a structure of carbohydorate sulfotransferase 5 (CHST5) gene and the SNP location therein.

Figure 39 shows a structure of HNK-sulfotransferase (HNK-1ST) gene and the SNP location therein.

30 Figure 40 shows a structure of estrogen sulfotransferase (STE) gene and the SNP location therein.

Figure 41 shows a structure of alcohol dehydrogenase 1 (ADH1) gene and the SNP location therein.

Figure 42 shows a structure of alcohol dehydrogenase 2 (ADH2) gene and the SNP location therein.

35 Figure 43 shows a structure of alcohol dehydrogenase 3 (ADH3) gene and the SNP

location therein.

Figure 44 shows a structure of alcohol dehydrogenase 6 (ADH6) gene and the SNP location therein.

Figure 45 shows a structure of alcohol dehydrogenase 7 (ADH7) gene and the SNP location therein.

Figure 46 shows a structure of short-chain alcohol dehydrogenase family gene (HEP27) and the SNP location therein.

Figure 47 shows a structure of L1 cell adhesion molecule (L1CAM) gene and the SNP location therein.

Figure 48 shows a structure of arylalkylamine N-acetyltransferase (AANAT) gene and the SNP location therein.

Figure 49 shows a structure of N-acetyltransferase homolog (ARD1) gene of *Saccharomyces cerevisiae* and the SNP location therein.

Figure 50 shows a structure of N-acetyltransferase (NAT1) gene and the SNP location therein.

Figure 51 shows a structure of N-acetyltransferase 2 (NAT2) gene and the SNP location therein.

Figure 52 shows a structure of granzyme A (GZMA) gene and the SNP location therein.

Figure 53 shows a structure of granzyme B (GZMB) gene and the SNP location therein.

Figure 54 shows a structure of esterase D/formylglutathione hydrolase (ESD) gene and the SNP location therein.

Figure 55 shows a structure of dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase (DDOST) gene and the SNP location therein.

Figure 56 shows a structure of microsomal glutathione S transferase 1 (MGST1) gene and the SNP location therein.

Figure 57 shows a structure of alcohol dehydrogenase 5 (ADH5) gene and the SNP location therein.

Figure 58 shows a structure of glutathione S transferase M1 (GSTM1) gene and the SNP location therein.

Figure 59 shows a structure of glutathione S transferase M2 (GSTM2) gene and the SNP location therein.

Figure 60 shows a structure of glutathione S transferase M4 (GSTM4) gene and the SNP location therein.

Figure 61 shows a structure of glutathione S transferase Z1 (GSTZ1) gene and the SNP location therein.

Figure 62 shows a structure of glutathione S transferase Pi (GSTPi) gene and the SNP location therein.

5 Figure 63 shows a structure of glutathione S transferase T1 (GSTT1) gene and the SNP location therein.

Figure 64 shows a structure of microsomal glutathione S transferase 1-like 1 (MGST1L1) gene and the SNP location therein.

10 Figure 65 shows a structure of microsomal glutathione S transferase T2 (MGST2) gene and the SNP location therein.

Figure 66 shows a structure of microsomal glutathione S transferase T3 (MGST3) gene and the SNP location therein.

Figure 67 shows a structure of glutathione S transferase A1 (GSTA1) gene and the SNP location therein.

15 Figure 68 shows a structure of glutathione S transferase A4 (GSTA4) gene and the SNP location therein.

Figure 69 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 1 (NDUFA1) gene and the SNP location therein.

20 Figure 70 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 2 (NDUFA2) gene and the SNP location therein.

Figure 71 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 3 (NDUFA3) gene and the SNP location therein.

Figure 72 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 5 (NDUFA5) gene and the SNP location therein.

25 Figure 73 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 6 (NDUFA6) gene and the SNP location therein.

Figure 74 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 7 (NDUFA7) gene and the SNP location therein.

30 Figure 75 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 8 (NDUFA8) gene and the SNP location therein.

Figure 76 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α / β subcomplex 1 (NDUFAB1) gene and the SNP location therein.

Figure 77 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 α -subcomplex 9 (NDUFA9) gene and the SNP location therein.

35 Figure 78 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 1

(NDUFS1) gene and the SNP location therein.

Figure 79 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 3 (NDUFS3) gene and the SNP location therein.

Figure 80 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 4 (NDUFS4) gene and the SNP location therein.

Figure 81 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 5 (NDUFS5) gene and the SNP location therein.

Figure 82 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 6 (NDUFS6) gene and the SNP location therein.

Figure 83 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 8 (NDUFS8) gene and the SNP location therein.

Figure 84 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 β -subcomplex 3 (NDUFB3) gene and the SNP location therein.

Figure 85 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 β -subcomplex 5 (NDUFB5) gene and the SNP location therein.

Figure 86 shows a structure of NADH-ubiquinone oxidoreductase 1 β -subcomplex 7 (NDUFB7) gene and the SNP location therein.

Figure 87 shows a structure of ATP-binding cassette subfamily A member 1 (ABCA1) gene and the SNP location therein.

Figure 88 shows a structure of catechol-O-methyl transferase (COMT) gene and the SNP location therein.

Figure 89 shows a structure of histamine N-methyl transferase (HNMT) gene and the SNP location therein.

Figure 90 shows a structure of cytochrome P450 subfamily 1 (aromatic compound-inducible) polypeptide 1 (CYP1A1) gene and the SNP location therein.

Figure 91 shows a structure of cytochrome P450 subfamily 1 (aromatic compound-inducible) polypeptide 2 (CYP1A2) gene and the SNP location therein.

Figure 92 shows a structure of cytochrome P450 subfamily 1 (dioxin-inducible) polypeptide 1 (CYP1B1) gene and the SNP location therein.

Figure 93 shows a structure of allylacetamide deacetylase (AADA) gene and the SNP location therein.

Figure 94 shows a structure of neuropathy target esterase (NTE) gene and the SNP location therein.

Figure 95 shows a structure of ATP-binding cassette subfamily C member 2 (ABCC1) gene and the SNP location therein.

Figure 96 shows a result of typing performed on two different groups of patients using the INVADER method.

[Abstract]

[Problem]

The present invention provides a method for detecting a genetic polymorphism(s).

[Means for solving the problems]

- 5 A method for detecting a genetic polymorphism(s), comprising creating oligonucleotide probes and/or oligonucleotide primers so that the probes and/or primers contain a polymorphic site(s) present in a gene encoding a drug metabolizing enzyme or so that the polymorphic site(s) is/are contained in the amplified fragment when at least one of said gene encoding the drug metabolizing enzyme is amplified; and detecting at least one genetic
- 10 polymorphism in a gene of a subject encoding the drug metabolizing enzyme using the resultant oligonucleotide probes and/or oligonucleotide primers.

[Representative drawing] none

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
ABC2	1	5' flanking - 673	agctaagagtcgaagcacc G/C cttttccaccagcctcgcg	1
ABC2	2	5' flanking - 646	ccaccagcctcgctgctg T/G tcccttcaccgacactctag	2
ABC2	3	5' flanking - 563	ttgcaagcgtggtgctac A/C ggcgacctccctgcgtccc	3
ABC2	4	5' flanking - 236	gctttgcgcgcgcgctaac G/T tgttagggcagatctgccc	4
ABC2	5	Intron3 + 408	aaggaactgaggccaagac C/T ctaaatgctgaactgcaca	5
ABC2	6	Exon4 + 153	ccctcaccatggtcaccctg A/G tcacctgcctctgcttttc	6
ABC2	7	Intron4 + 289	gtatttcttttagcatccaag G/T ggcatactgtgtctcttttc	7
ABC2	8	Intron4 + 291	atttcttttagcatccaaggg C/G catagctgtgtctcttttct	8
ABC2	9	Intron5 - 63	ttcttcagggttaagtactg C/T ggttctttgtgtccctcca	9
ABC2	10	Intron7 - 185	gtctctgcccctgtctttgc C/T gcttctcttatctctactcc	10
ABC2	11	3' flanking + 71	agcgcacttttcagctgcgg G/A tgtctctcttttatcatcc	11
ABC2	12	3' flanking + 129	aactgcataccttttccct T/C aagctttttaattcctatga	12
ABC2	13	3' flanking + 459	cattcaggaggagccaggtc G/A tgtgacgtcgacagttgctg	13
ABC4	1	exon3 + 3	aacacccttattttatagat C/T caatgactgagtcgaagaatt	14
ABC4	2	intron3 + 45	cagcatctctacttatacca T/C gctctgcttttaaggttctct	15
ABC4	3	intron3 + 498	actcaaataggtgtgtaggag C/T agagacaattcaatacagac	16
ABC4	4	intron3 + 515	gagcagagacaattcaatac A/G gacagaagtcttagatgaga	17
ABC4	5	intron6 + 1030	tagttttgoccatgtagaatt G/C aaaaagtgatagatgggtgt	18
ABC4	6	intron6 + 1437	gttaagcctgcttcaatcaa G/A ttagtatatattctgttcta	19
ABC4	7	intron6 + 2449	ttgacttagcgacactgtta G/A catacttatctttctgtgt	20
ABC4	8	intron7 + 451	ccctgctgcacctgtgctgt A/C taagtttggcttattatagt	21
ABC4	9	intron7 + 530	agtagagacagctgtggcgt C/G acaccggacagagctaactg	22
ABC4	10	intron7 - 152	aacagaatcatgaatttag T/C tgttaattgattgaaggcct	23
ABC4	11	exon8 + 40	aggataaattgtttatgtcg C/T ctgggtaccatcatggccat	24
ABC4	12	intron8 + 130	ctgggttgactccagatatca T/C agaaggagtgtgaaattct	25
ABC4	13	intron8 + 248	aatacacaggaagcttctaa A/G taaagtaagggaagtcactct	26
ABC4	14	intron8 + 531	ctaaagagtgaattgattca A/G tacgtcccttgggaactcacc	27
ABC4	15	intron8 + 4240	ctgagggttccagcttatctc T/A tagagatgtttacttagtct	28
ABC4	16	intron8 + 4343	tgttagaagaaaaaaaggtt C/T atattacaagagggtctgac	29
ABC4	17	intron8 + 4677	cccaagatatcttcataact G/C tccatagtgcctagggtgcc	30
ABC4	18	intron9 + 113	tttaccagattcacctatt A/G ttatcatttttgcctccaaa	31
ABC4	19	intron9 + 982	tgctctatcacgtttttgtt T/A taagttttagtaattgatta	32
ABC4	20	intron11 + 457	tccagcttgggtgacagagt A/G agacttcatctcaaaaaaaa	33
ABC4	21	intron11 + 1337	tactcttggggagcctatca C/G cagggtgggtcagatatagc	34
ABC4	22	exon12 + 3	tgtttcttttctgtccagat A/T ctctcggcatttagtgacaa	35
ABC4	23	intron12 + 1288	cagaccacactaacctcag T/C tggacctcaggatgtcagtg	36
ABC4	24	intron13 + 206	tgttgataagaaaatagcat G/A tggtagaccatttggtaaa	37
ABC4	25	intron13 + 988	cagtcgggttgggaagcttg C/T accctttcttcaacttctca	38
ABC4	26	intron13 + (1413-1414)	tttatcttcacttatgtttt (T) ctcagtttaagttagtcta	39
ABC4	26	intron13 + (1413-1414)	tttatcttcacttatgtttt ctcagtttaagttagtcta	40
ABC4	27	intron13 + 1931	cttgcaaatgtgtctcttcc A/G caaaaaaaaaggaaaggat	41
ABC4	28	intron23 + 784	agtatctctctaaactcttgc T/C atgcaggaataattatttta	42
ABC4	29	intron25 + 158	gaaatattttactgtattaa T/C gtctagaacttaaatataag	43
ABC4	30	intron25 + 2920	ctgagcttctctatcacat T/A ttccattctcggatgtgt	44
ABC4	31	intron29 + 411	cttctcttaccctgaattct A/C ggctctcgaactttgacttt	45
ABC4	32	intron32 + 458	agaaaatgaaattgccctac T/C gagtaactctgaagcaca	46
EPHX1	1	intron1 + 110	tgcataaatgtgtcttactag C/T ttctagtgcataaatattg	47
EPHX1	2	intron1 + 143	aaatattgtgtggagctcttc G/A ctgtgctgggcagtcacca	48
EPHX1	3	intron1 + 1097	aatccagagagggagataga T/G tggaaagtcaagggtggaca	49
EPHX1	4	intron1 + 1717	ttccaagacagagcagggg T/C gctgctggggcgtgtgttg	50
EPHX1	5	intron1 + 1772	aactcgatgctttctctcc G/T tctgggtcctaactgcagtg	51
EPHX1	6	intron1 + 2054	gaaatgtaacaggaacact A/G tggacacagaagtagatta	52
EPHX1	7	intron2 + 1414	atttccaaaatctgtttggg G/T gtaactgaaacacttgggaa	53
EPHX1	8	exon3 + 174	taccctcacttcaagactaa G/A attgaaggtatgtttgaaa	54
EPHX1	9	intron3 + 6583	ctgtcaataaccatgaagggg G/C ggcggggcactaagggtgg	55
EPHX1	10	intron4 + 34	agaggttccataactgcccc G/A tccctggcaagggtggggcc	56
EPHX1	11	intron4 + 63	aagggtggggccggtgttcc C/T accaggtctctctccggcg	57
EPHX1	12	intron5 + 154	gcagtgcctgagggcacgttg G/A ctggatcctcctgtctgta	58
EPHX1	13	intron5 + 276	tgctggaccaagctotggga T/C agccctgagcagaactcccc	59
EPHX1	14	exon6 + 130	gatgtggagctgctgtaacc C/T gtcaaggagaaggtattcta	60
EPHX1	15	intron8 + 206	ggtgcctggctccggggcg C/A cctcagtaccgctccccagt	61
EPHX1	16	intron8 + 353	tggccctcccagaaaagaga A/G ggccctcagtgaggggagag	62
EPHX1	17	3' flanking + 708	agggtcagactcatgcactc A/G gccctgaagaggtgagagag	63
EPHX2	1	5' flanking - (523-522)	aaagtcaactggatagtcgcc (C) tccccgcgccccaacacgg	64
EPHX2	1	5' flanking - (523-522)	aaagtcaactggatagtcgcc (C) tccccgcgccccaacacgg	65
EPHX2	2	5' flanking - 522	aaagtcaactggatagtcgcc T/C cccccgcgccccaacacggt	66
EPHX2	3	5' flanking - 521	aagtcaactggatagtcgcc C/T cccccgcgccccaacacggtc	67
EPHX2	4	5' flanking - 516	actggatagtcgccctcccc G/C ccccccaacacggtcttatg	68
EPHX2	5	5' flanking - 515	ctggatagtcgccctcccc G/C ccccccaacacggtcttatg	69
EPHX2	6	Intron1 - 74	tggctgcttctcaatgaata T/C gaacagtgtctgtttccatg	70
EPHX2	7	Intron3 + 72	gagcattaggctcagaatcca T/C tgaagtgaactttgagatca	71
EPHX2	8	Intron4 + 473	gtgtgtctctactttaatct A/G caaaaggtgattgaatggag	72
EPHX2	9	Intron5 + 276	caagagtgaggatgttcaagg C/T catctgacctcacttttga	73
EPHX2	10	Intron8 + 8	tctgtctctccgggtgggtg T/C gctgtcttgacagctgtctta	74
EPHX2	11	Intron9 + 1573	atgtctgaagactgatgaa C/T gatggacggctgcactgctc	75
EPHX2	12	Intron10 + 207	gaacaggtgagatgagct T/C gtttattgtcttttaatga	76
EPHX2	13	Intron12 + 911	tgaagagacctcgacatgct G/T catccacatactacagggg	77
EPHX2	14	Intron12 + 2425	atcttctcagctgagcaaac C/T gaggtcagaggggttaacc	78

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
EPHX2	15	Intron12 + 2460	ttaaccccaactggcccaag G/A ccaggtagcatgattgggtca	79
EPHX2	16	Intron12 - 281	aagtcctttcaagagattat T/C ataagtagtaccttctcatt	80
EPHX2	17	Intron12 - 268	agattattataagtagtacc T/G tctcattataggaattattga	81
EPHX2	18	Exon13 + 50	cctgagtcggacttttcaaaa G/T cctcttcagagcaagcgaatg	82
EPHX2	19	Intron13 + 1739	ttgtcgtaacagggttttca G/T atgagcatatttccctttgta	83
EPHX2	20	Exon14 + 33	atgcataaagtcgtggaagc G/A ggtaagagacatgcttggga	84
EPHX2	21	Intron14 + 314	ggattgagagcttacctcta T/C ggggttcacctcgtgtatgc	85
EPHX2	22	Intron14 + 878	attcccttattcccttcacac C/T gctgtcactcattcattca	86
EPHX2	23	Intron14 + 948	gcacaggctgggtatgaagc T/C ggggtcgtatgctcagctac	87
EPHX2	24	Intron15 + 259	agagggttttcaactactttt C/T agtcattggtcctcagagaa	88
EPHX2	25	Intron16 + 459	tcctcattttgtcaagcagaa G/C atgagtttccaatctctggg	89
EPHX2	26	Intron16 + 645	gtaagtgaacacactgtctac G/A tgccagacttctgccagac	90
EPHX2	27	Intron16 + 985	gtcattatcatcatatgacc G/A atgaaatgaccaaactgca	91
EPHX2	28	3' flanking + 12	agggtggccttacacacatct T/C gcatggatggcagcattgtt	92
EPHX2	29	3' flanking + 374	tggtcacggagaatgcacgg C/T atggggatgaacctttccc	93
EPHX2	30	3' flanking + 544	tagccacctgcttttctccc G/A gcttccctagcagagtgtg	94
GAMT	1	intron1 + 429	ctcgaaagctgagctcagg G/A agacagctgtccccgggtg	95
GAMT	2	3' flanking + 626	cactgacctccttgcctga G/A agaaggccggtcctgtgct	96
NNMT	1	5' flanking - 228	ataattttcctgacgagctc A/T agtgcctcctctgtgtctaca	97
NNMT	2	intron1 + 44	ccccactaatgtgagtcata T/C agatggagtctcaggccacg	98
NNMT	3	intron1 + 149	ggataaaaacgaattattgtt A/G tagcgattccacagtttaca	99
NNMT	4	intron2 + 158	agataggcccatgtgtgtgc G/A tgttagtaaatgtgtgtatg	100
NNMT	5	intron2 + 433	gctgtagccatccaaagccta T/C agaacttggctgtgagtg	101
NNMT	6	intron2 - 3064	atcatctgactgttaagtct C/T agttctgttggttaactcaagt	102
NNMT	7	intron2 - 260	atttcatggagggaagtcca T/C ggtagaagcaggctgctagg	103
NNMT	8	3' flanking + 71	ggctcagtgtgtggggccca A/G tggttcatctaggacgggac	104
PNMT	1	5' flanking - 390	aagaggtgaatggctcggg G/A ggctggagaagagagatggg	105
PEMT	1	exon2 - 4	agctcagcagacctcctggc C/T gtgggtggtagctcctttcc	106
PEMT	2	intron4 + 39	actgtccagacgggagttac C/T cactgcttggtagcccccac	107
PEMT	3	intron4 + 1317	accgtccccagctggcccca G/A cctcctgacatgggcctctg	108
PEMT	4	intron4 + 1355	ctggagccagctcagcccg A/C agtgcctggccatcctggcg	109
PEMT	5	intron4 + 5925	gtccaggcactgtggcccta C/T gtgggagtctccagttcca	110
PEMT	6	intron4 + 6028	ggcagtggtccaaggaccag G/C atggactccctcttctcacc	111
PEMT	7	intron4 + 6078	atctgtaccctcgggacctc C/T acctggcttctgtccatcac	112
PEMT	8	intron4 + 6089	cggcgactctacctggcttc A/G tgccatcacccccgccagat	113
PEMT	9	intron4 + 6379	tcagggtgccccctccat G/A cctcctcacccctgcccctc	114
PEMT	10	intron4 + 7339	tgtaaaggaatcctgccaaga C/T ggcatatgcacacgggtca	115
PEMT	11	intron4 + 7619	ctcctgcacatgtgctccag A/G gaggaaaggcatttgacagg	116
PEMT	12	intron4 + 8858	ggcatgtgtgtgtgtgtgt T/G gtgtgtgagtgtgtgcatgt	117
PEMT	13	intron4 + 9029	tttctggaccagaagcgtc G/A tctctgcaggggcctcttg	118
PEMT	14	intron4 + 9056	gccaggccctcttgcacttg C/T gggaaagctgagctgagctg	119
PEMT	15	intron4 + 9512	ctgagctgggcagcagcatt A/G ctctgtgtgctgctggcact	120
PEMT	16	intron4 + 9523	agcagcattactctgtgtgc T/C gctggcacitggcctgggtgg	121
PEMT	17	intron4 + 9622	gacaaagtgtacaacaagg G/A tctcgaaactgggtcagctca	122
PEMT	18	intron4 + 10776	ccattcctgggtctctcttg G/A aggcgtgaatgaattccatg	123
PEMT	19	intron4 + 10912	cttgccccactttgtcaga G/C gtgcaacaaggccttcagga	124
PEMT	20	intron4 + 11590	ggacactggcctgagtcaga G/C gtgtggtctctctctgcag	125
PEMT	21	intron4 + 12090	ggccaggccacccctaccag G/C ctgagtccacctgtccagc	126
PEMT	22	intron4 + 12263	taccgccttcccagatgga G/A cgggctgctcatgggactta	127
PEMT	23	intron4 + 12448	cttggtccccctctctggt G/A tagtttcttgggctaaaatc	128
PEMT	24	intron4 + 12730	tgggaccagtgccgccacca C/T ggcccaaggacctggtgttc	129
PEMT	25	intron4 + 13240	gggctccaggcacacagcgg T/C cccagtacacctgtcgttt	130
PEMT	26	intron4 + 13494	tccgtggaactcagagatgg T/C acctccctgcagggtggggc	131
PEMT	27	intron4 + 13817	aactctccccctgctgctag A/G cagatcttggagcctcggcc	132
PEMT	28	intron4 + 14773	cggccctgtgtctcatgcc C/T ctatgcctctcactgcctgg	133
PEMT	29	intron4 + 14951	gtcctgaggccctccacc G/A gagcctgggtgcccctcaca	134
PEMT	30	intron4 + 16896	gctgtgactgtcttggagac T/C gggcttggcgggctgggtg	135
PEMT	31	intron4 + 19439	ccaggagcctctgaggcagc G/A ggggcttctcaaccacacac	136
PEMT	32	intron4 + 19559	attttgtcagcatgtcacgt C/T cctttcataatgaagcaagg	137
PEMT	33	intron4 + 20051	acagcactgcccggagccacg A/G catctgcagacgcatgtat	138
PEMT	34	intron4 + 20816	tggactctctggcctccata C/T agccacttcagtgcgacgtg	139
PEMT	35	intron4 + 21196	ggctggctggccctgggat C/G atcgtgacaggcctttagtgg	140
PEMT	36	intron4 + 21528	acaggtgggagccgaggtc G/T ggaggtggccgggctgagc	141
PEMT	37	intron4 + 21596	cgccttccccctgtctctggc C/T gttagcagaaggtgtccact	142
PEMT	38	intron4 + 22672	agcctccactgcctttgtg C/T tagggggagggggccgggtc	143
PEMT	39	intron4 + 22713	tctaacgctgtcttctttgt A/T ctgaaaaccaaaccttct	144
PEMT	40	intron4 + 23010	tggccggcagcggggaggga G/A ggcagtggtttcccccaagt	145
PEMT	41	intron4 + 23588	gtcaggcgccctgcatccc C/T gcagccaagttctggcgga	146
PEMT	42	intron4 + 23627	gacactgcccaggccagga C/T ggtgaggtgggagccttcc	147
PEMT	43	intron4 + 23941	tgagggggtgggactctaca G/A aggaagtggaactcacgggg	148
PEMT	44	intron4 + 24091	gacacctttcactgtcagc G/T ctgagacacgcccctgcct	149
PEMT	45	intron4 + 25348	caggccagttggaatcctac G/A tagagtgaaagcatctcagc	150
PEMT	46	intron4 + 25603	taagcagtttaacactgtatg G/A tgatgaaaattccaacagca	151
PEMT	47	intron4 + 31540	cctccaggtggcaggaacac T/C gtgaggagcatgcaacgtgc	152
PEMT	48	intron4 + 31637	gtggcctgggagccaggac G/A gtgaggggcttcaagggtgtg	153
PEMT	49	intron4 + 31642	ctgggagccaggacgtga G/A gggcttcaagggtgtgtttg	154
PEMT	50	intron4 + 35593	ggaggagctgaagagctgg G/A gctcgggatcagggtgttca	155
PEMT	51	intron4 + 35647	actttgaggcaccaccgcac C/A tgtccgtgcgtgaggagac	156

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
PEMT	52	intron4 + 35862	tcccagttgggtctctgtcc C/T cgtctcagccgagcactcag	157
PEMT	53	intron4 + 35882	ccgtctcagccgagcactca T/G cggccagggtggctggactc	158
PEMT	54	intron4 + 37141	ccacaggccggatgccttga T/C acttctcagctgcagggtc	159
PEMT	55	intron4 + 38862	tggagagaccacctcagaca C/G caaggacgggcatgccatgg	160
PEMT	56	intron4 + 38872	acctcagacagcaaggacgg G/T catgccatgggtcccgccag	161
PEMT	57	intron4 + 39140	atgtctcaaatctccctccc C/T gggaaatctaggcacaggctc	162
PEMT	58	intron4 + 39635	caggccaggagcagggtggg G/T cctcctcacaggagcaggcc	163
PEMT	59	intron4 + 39713	actctgagcatgctggctcc C/T tcctttcttccagggcagca	164
PEMT	60	intron4 + 40436	cctgggttgctctcggagcc G/A gaggcagacagaggagccct	165
PEMT	61	intron4 + 47485	acaatgactgttggagccct C/T gaggcaggctgtgtcacgtgg	166
PEMT	62	intron4 + 48131	actggggatcctgaatccc G/A cctcctgatgccagtggagc	167
PEMT	63	intron4 + 48558	cacagtgtgaactgttaggc C/G acagccacatcttgcggag	168
PEMT	64	intron4 + 48702	gagatggggcggcttcggga G/A gcaaaagcagggaaggcagaa	169
PEMT	65	intron4 + 50302	gcatgtgcattggcagaggg C/T gttcccatctgagtgggacc	170
PEMT	66	intron4 + 54102	ggccgctgtctcctcagccc A/T tgggctcctctggcagttct	171
PEMT	67	intron4 + 54220	cccaggagacagatctctccc G/A ccagacgtctcttcttgcct	172
PEMT	68	intron4 + 54371	gcagataatgtcagctggg G/A tgcattgtgtttgttctccc	173
PEMT	69	exon5 + 79	tggcctgtactctctgaac G/C tcacctcctgtcctgaac	174
PEMT	70	intron5 - 6796	ggagggaagtcagctcttac A/C gatgttgggtcccagctttc	175
PEMT	71	intron5 - 6636	ttttctcctctcactttttg T/C gttcagaggcagagggtgctc	176
PEMT	72	intron5 - 6448	gttggggcaggctctgacag G/A accctcgggaccagctcctg	177
PEMT	73	intron5 - 5218	ggagcccttggtgaagagac C/G ttacgaccaaggcctggagg	178
PEMT	74	intron5 - 4824	ggacaggccgggggttggc G/A gctgcatgaaggaggaggagg	179
PEMT	75	intron5 - 4249	tcaccagagtgatttctctc C/A ggcagggtgctgggttagcc	180
PEMT	76	intron5 - 4230	gaggcagggtgctgggttag C/T cactgggggggttccatgag	181
PEMT	77	intron5 - 4182	ggagagtaagggttggggg G/A cacttaggacagggaagctg	182
PEMT	78	intron5 - 3369	ccagggtggggcgtgtgctt G/C tggcctgtgtgtggccag	183
PEMT	79	intron5 - 2625	cagggaagctgggcccctgaa C/T gaggctgggcttttggggccac	184
PEMT	80	intron5 - 1200	attattgtgagcatgggaag A/T gcacatttgggtcacacatgt	185
PEMT	81	intron6 + 606	gcctggctagacgccaccac A/G tgacctgatgatggcagca	186
PEMT	82	intron6 + 1229	tttggctcagggaaggggag G/A gcagccaggagcgtctggt	187
PEMT	83	intron7 + 716	atggagatgtgtctcccggg C/G ggtcagaggacacctgcggtc	188
PEMT	84	intron7 + 1537	ctctgggggacgcataagcc G/A cctccagaggacatcagcca	189
PEMT	85	intron7 + 1718	gggcttccagggtgtctgagc T/C cccggcagtgaggaccaca	190
PEMT	86	intron7 + 2695	ggctttggggggaccctggac C/T catttctagaaaacagcctt	191
PEMT	87	intron8 + 140	ccagggtctcccaggctcagag C/T ggccattggtagcttacaatg	192
PEMT	88	3' flanking + 179	tacttagggggctcagggg C/T tcacctggccatggccatgg	193
PEMT	89	3' flanking + 394	gatgacactgtcattcctaa A/G tgaatggccttgtgtgacc	194
GSTM3	1	5' flanking - 144	ccaacccggcattagtgcg G/T cctgcgcacggccctgtgga	195
ALDH5	1	5' flanking - 2808	cgttgcactgtaggactctc C/T ccacgtcccctaataccatc	196
ALDH5	2	5' flanking - 2575	gcagttcccgcggatagaga A/G ggtccggtccttcccgtgt	197
ALDH5	3	5' flanking - 2537	tgtgggtgaactgtaaaaaa C/T tgcctgtattcaggaggata	198
ALDH5	4	5' flanking - 940	cttcaactaatctgggaaca C/T tacactctgttttaatttca	199
ALDH5	5	5' flanking - 785	tgggaagagctgaaaggat G/T ctgagacctgtgttgggg	200
ALDH5	6	exon1 + 183	ccgacggctcaaccctaccac T/C gggagggtcattgggcacgt	201
ALDH5	7	exon1 + 257	cgtgaaagcagccgggaag C/T cttccgctggggctcccat	202
ALDH5	8	exon1 + 320	gcggggccggctgtgaacc G/T cctggcagacctagtggagc	203
ALDH5	9	exon1 + 605	acttgcggcgacatcgcca C/T aggcacactgtggttatga	204
ALDH5	10	3' flanking + 1527	aaagtgcactgtgaagccc G/A tagagaaaaactctggttc	205
TGM1	1	Exon2 + 179	tgcggaaatgcggcagatga C/T gactggggacctgaacctc	206
TGM1	2	Intron9 - 611	acttaccactctgtcctctc C/T tgccaggcctcttctctgca	207
TGM1	3	Intron9 - 272	ccgcacatctgtaccctgcc C/G ccatcctccagcagagcagc	208
TGM1	4	Intron10 + 54	tcagtcatgggttctctggt C/T ccaacttcaccgtgactga	209
TGM1	5	Intron10 - 51	aggaggccgggagtcaggcc A/G cctcagacctcttggtcca	210
TGM1	6	Intron12 - 47	gggagtcctcggggagagcc T/G catgtagggaagcaggcctc	211
TGM1	7	Intron13 + 72	ggataaggacatcagagggt G/A gcgctaagccagcagcaggc	212
TGM1	8	Intron14 + 1671	atctcttaccacacccccca C/G catgttggggagggttccca	213
TGM1	9	Intron14 + 1691	ccatgttggggagggttcc C/A tctaaaggatccgcagagc	214
TGM1	10	Intron14 - 1634	tccttgcctcctcctctcag G/A gagctcagaaacacctcaa	215
TGM1	11	Intron14 - 1459	ggaaacccctcagaaccagg T/C tccaagccaaatgctttgcc	216
TGM1	12	Intron14 - 801	cagaatacaaaagtgggatg G/C gaggcaaggagtcccgtag	217
TGM1	13	Exon15 + 233	ctcagggtggagcttagccc T/C gtgccaggagcaatgggact	218
TGM1	14	Exon15 + 369	ggagtcagctctcacttga C/A tgggggaacagatgctaata	219
GGT1	1	intron1 + 85	ttatccagtaaggttggctcc G/A tcacctcttttctgtgtgg	220
GGT1	2	exon3 + 68	gacggccagggtccggatgt G/T gtgggagctgctggggcac	221
NQ01	1	1 intron 1 80	aggaggtttaggggcttgg C/A ctgaattttgttccttgact	222
PIG3	1	5' flanking region -47	gggaaggagggaagggaaga G/A ggggagggtgttctgctta	223
PIG3	2	intron 2 243	taacaccggacgcccagcag A/C agtccagcttcttagaatc	224
PIG3	3	3' flanking region 282	agcaggcccccagccctggcc G/A ctactcactggggccacc	225
NQ02	1	5' flanking region -434	tttctgttcaccacgggacc C/G tcattctgtaaccgggatac	226
NQ02	2	5' flanking region -406	gtaaccgggataccagccag A/G gatggggagcgggagcgca	227
NQ02	3	5' untranslated region -102	tcctgcggctcctactgggg A/C gtgcgctgtctggaaggta	228
NQ02	4	intron 1 1919	tcactcaaatagagctgagt T/C agtactcagctcttggacc	229
NQ02	5	intron 1 2004	acaaactcacatgccaccag C/G catatgatgtaaacatgtaa	230
NQ02	6	intron 1 3391	aaagcagagggtctgtcagg C/T gccccctggccctaggctagg	231
NQ02	7	intron 1 3456	caaaggccctcactccaggc C/A ggccaactcttctgttttag	232
NQ02	8	intron 1 3595	actgccagcttttaggttca T/C tcttgaagtgttctgtgtg	233
NQ02	9	intron 1 3596	ctgccagcttttaggttcat T/C cttgtaagtgttctgtgtg	234

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
NQ02	10	intron 1 3598	gccagcgttttaggttcattc T/C tgaagtgttgctgggtgtoa	235
NQ02	11	intron 1 3651	cctgcgctttgaagggatg A/G atgtgacctctcccacattc	236
NQ02	12	intron 1 6036	tggtgtggcggttcactgat C/T cccagcgtttctgctcgatc	237
NQ02	13	intron 2 14	atggcaggtaattgattcact A/G ttgtggagtaagactttttt	238
NQ02	14	intron 2 192	gccacgtggaagtgtataaa C/T tatctggaattatctgttt	239
NQ02	15	intron 2 635	caccctgttttagcaccatgc A/C ccatccctggcctctgcca	240
NQ02	16	intron 2 685	agtagcaccctccccacc G/A gctgtgacaaacaaaatgt	241
NQ02	17	exon 3 139	ctgatttgtatgcatgaac T/C ttgagccgaggggccacagac	242
NQ02	18	intron 3 36	aatgctctatttataaaaaa T/C atctttatgttttttacttt	243
NQ02	19	intron 3 728	aacgtgggcataaaacaccca T/C ctagtgcacaaaagcagggtg	244
NQ02	20	intron 4 1577	tgccctctgcacacccttcc C/T gacaccagccctttctttac	245
NQ02	21	intron 4 1832	tcggccggccacgtggagcc C/T gctttcctcctcgaccacac	246
NQ02	22	intron 4 2583	tggtgttacgcacagctcct C/T gtcccctcctgctgcacca	247
NQ02	23	exon 5 330	ctgtactggttcagcgtgcc A/G gccatcctgaagggtggat	248
NQ02	24	exon 5 405	atcccaggattctacagttc C/T ggtttgctccaggtatgtgc	249
NQ02	25	intron 5 21	gtatgtgctcttgggataagg A/T tcaatgatgtagttggagg	250
NQ02	26	intron 5 253	atggcaacaaggaggatggg T/C cagggtgcagggtgacggggg	251
NQ02	27	intron 6 2435	cccccttaaatcatttaac T/C gaatggatgtaaacagggt	252
SULT1A1	1	5' flanking region -1597	gcagagtaaaaggagctcact C/G aagaagaggaaactgggggt	253
SULT1A1	2	5' flanking region -1491	gagggttatattcatgaaga G/T tccaggaaaaggtaaagatt	254
SULT1A1	3	5' flanking region -1376	cggtttcataatgttactgat C/T atacaatgagatcctagggtg	255
SULT1A1	4	5' flanking region -1375	ggtttcataatgttactgat A/G tacaatgagatcctagggtg	256
SULT1A1	5	5' flanking region -1370	catatgttactgatcataca A/G tgagatcctagggtgaaacct	257
SULT1A1	6	exon 1B -65	aacctgcattccccacaca G/A caccacaaatcagccactgc	258
SULT1A1	7	intron 1B 442	gagccaccctgcctaggcct G/A tgcctttgtgagtcacag	259
SULT1A1	8	exon 1A -197	gtgggggttccagcagga A/G tggtagacaaaaggcgctg	260
SULT1A1	9	exon 1A -159	ctggctggcaggagacagc A/C caggaaaggtcctagagcttc	261
SULT1A1	10	exon 1A -95	gagaccttcacacaccctga T/C atctgggcttgcgccagca	262
SULT1A1	11	intron 1A 60	ctggttttcagcccgagccc C/T gccactgactggctttgtga	263
SULT1A1	12	intron 1A 69	agccccagccccgccactga C/G tggctttgtgagtgccggca	264
SULT1A1	13	intron 1A 174	tgtgatgtgtgtaaggggac G/A ggccctggctctggccctga	265
SULT1A1	14	intron 6 11	catgaaggagggtgagaccac C/G tgtgaagcttccctccatgt	266
SULT1A1	15	intron 6 17	ggagggtgagaccacctgtga A/T gcttccctccatgtgacacc	267
SULT1A1	16	intron 6 35	gaagcttccctccatgtgac A/T cctgggggcccgcacctcac	268
SULT1A1	17	intron 6 71	ctcacaggagaccacaggag T/C caccagcccccctccctgg	269
SULT1A1	18	intron 6 108	ttggcagcccccacagcagg C/A ccggattccccatcctgcct	270
SULT1A1	19	intron 6 111	gcagccccacagcaggccc G/A gattccccatcctgccttct	271
SULT1A1	20	intron 6 270	ctccctgccaagggtgtgc C/T acccaggggccacagtcattgg	272
SULT1A1	21	intron 6 488	ttttacttttctgaatcag C/T aatccgagcctccactgaag	273
SULT1A1	22	intron 6 509	aatccgagcctccactgagg A/G gccctctgctgctcagaacc	274
SULT1A1	23	exon 7 600	ccctctgctgtcagaaacc C/G aaaaggagattcaaaagat	275
SULT1A1	24	exon 7 645	gagtttgtggggcactccct G/A ccagaggagaccgtggactt	276
SULT1A1	25	exon 8 902	gctgtgagagggtcctcgg G/A gtcactgcagaggagtggtg	277
SULT1A2	1	5' flanking region -547	tggtcttttctgttctatg G/C atccatgctctgctccacc	278
SULT1A2	2	5' flanking region -425	tggtgggttgcactggggcag G/A acccctggcacttcaagac	279
SULT1A2	3	5' flanking region -358	ctttccagggtcgtcctatc C/T cagctttctccttcttgcct	280
SULT1A2	4	5' flanking region -355	tccagggtcgtcctatccca G/T ctttctccttcttgcctgg	281
SULT1A2	5	5' untranslated region -28	actgctggcgaggagggcac A/G agggcagggttccaagagct	282
SULT1A2	6	intron 1A 85	ctgactggccttgtgagtc G/A ggcaagtcaactcagcctccc	283
SULT1A2	7	exon 2 24	gagctgactcaggacatctc T/C cgccccactggagtagct	284
SULT1A2	8	intron 2 34	ggcaccaccctctcccag T/C ggagtcaccaccttggcca	285
SULT1A2	9	intron 5 77	cagcaaccctgtgtcggcac T/C cctgtcccgttctccagt	286
SULT1A2	10	intron 6 684	actgggggtccagggttoga G/C gagctggtctatgggtttt	287
SULT1A2	11	3' untranslated region 895	gctctgagctgtgagagggg T/C tcttgaggtcactgcagagg	288
SULT1A2	12	3' flanking region 98	ctcccccgtctccagctctc A/T acttggcctgtttggagagg	289
SULT1A2	13	3' flanking region 817	ccactgactcggggttggcc A/C aggtgccagggttggcaaa	290
SULT1A2	14	3' flanking region 1006	cctctccctgtgaggtgct T/C taccgcgtgtggggcgcat	291
SULT1A2	15	3' flanking region 1464	tcccgtagccaggcaagt C/T ggtgaccagagagcagccccc	292
SULTX3	1	intron 1 332	cctgtctctccctttaccctg G/T ctggctgtgtgaccttggac	293
SULTX3	2	intron 1 1167	taggaatggctaagcgtgtc G/A ttggcttctgtggccactca	294
SULTX3	3	intron 1 2872	cattctcactgatgcagacg G/A aagcttctgggctgggcgt	295
SULTX3	4	intron 1 6242	cacccttggcctttaccagc A/G tggaaacattttacctgaat	296
SULTX3	5	intron 1 6601	gcgtgggcttctggaggag C/T gagaggagagtgaggggccc	297
SULTX3	6	intron 1 6768	agcttgaatagagccagact C/T tcttgggacctgttgacccc	298
SULTX3	7	intron 1 6905	agtactttgtttatcctcc C/T catcctcacaactttgccat	299
SULTX3	8	intron 1 7464	gccaggatcccttgagagac G/A acatgaacacagccaggagc	300
SULTX3	9	intron 1 7833	tgcttgggcttgggttggc G/A ggggcagctgtgctccaggc	301
SULTX3	10	intron 1 8189	caaacctggggcccttaatgc C/T gcacaccagagcctcctttc	302
SULTX3	11	intron 1 8316	ctctcacacaaggcgaggc C/G tcttccccttggagcagagc	303
SULTX3	12	intron 1 8617	agacagaggctggggccaaag C/T cagggttggcggagcttcc	304
SULTX3	13	intron 1 8631	gccaaagcagggttgcggga G/T cttcctggactggtcaggcc	305
SULTX3	14	intron 1 9493	ttttctcttagagcttccc G/A tegtgtctgtgtcaggggc	306
SULTX3	15	intron 1 10306	caggcggggagcctgaatgc C/T gcagtgtgagggtggccag	307
SULTX3	16	intron 1 11987	tcataaaataatgatatacag T/C acactttttgaaatttgag	308
SULTX3	17	intron 1 13085	ctctgtgcccgtgttgaga C/A agggcatgccctagagctct	309
SULTX3	18	intron 1 13108	gccatgccctagagctcctgg G/A gagttccaccccagaaacgc	310
SULTX3	19	intron 2 700	gaaccatctgggagtcgttc C/T gtactgccgtgccaggggcc	311
SULTX3	20	intron 2 818	agccatagtagctagccagc G/A atcagcgtgggggggggagc	312

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
SULTX3	21	intron 2 1677	actccacttcccctgaaccc C/T accccttcccttccctctg	313
SULTX3	22	intron 4 4954	gcgtgccgaagcgccggagg C/T tggatggctcaagacgtga	314
SULTX3	23	intron 5 3632	ccagctgactccacacacag C/T ggtcagagaacattgtcttt	315
SULTX3	24	intron 5 3662	acattgtcttttaaggtttc C/T gaagtgtcgaataaagaaa	316
SULTX3	25	intron 6 1874	tctgatctcagagagctgac A/G atggaaagaattctaaacga	317
SULTX3	26	intron 6 2133	agaccgggtgcctgcagttta T/G cccacagctcagccctccct	318
SULTX3	27	intron 6 2524	ggaagggccagggtgcctg T/C gatgccagagcagtgcaact	319
SULTX3	28	intron 6 2573	agatcactctgctcctggg A/G tgtttattaaacacctgccca	320
SULTX3	29	3' flanking region 12	gttcccggtgttgcgtcag C/G gtttctgttgggggtag	321
SULTX3	30	3' flanking region 445	tccaaagcctgtcttccctga T/G ttccctgtggaaggagatcc	322
TPST1	1	5' flanking region -298	accgccaccatgcccagct A/C atttttttgtattttttt	323
TPST1	2	intron 1 3520	agaaaagcagattaatgtaa C/G agtgacgcttagacaacaag	324
TPST1	3	intron 1 3610	ggcagaagaagataatagca A/G ctattaaacacaaataaatt	325
TPST1	4	intron 1 20828	tattgtctgccacctgtgca A/G tgtgtcctgtgataagtgc	326
TPST1	5	intron 1 -6761	aatacaactatttctgtga T/C aattctagaggccagagaga	327
TPST1	6	intron 1 -544	tagaacaagtgaaattttta C/T gttcttagtggtttatgggt	328
TPST1	7	intron 1 -526	tacgttcttagtggtttatg G/T ttggcagttttccccaaca	329
TPST1	8	intron 1 -234	tcaagacattttaataatgca C/T atgtttcagctaaccctttt	330
TPST1	9	intron 1 -48	ttatagtgggtttaagcatg A/G ttcttaaaaaatttaataaa	331
TPST1	10	intron 2 -18944	aaaaacattagaactgggaag G/A ttaaaaaatttttagtcttt	332
TPST1	11	intron 2 -18687	tatgtgcaccctaataaact A/G ttctcttaaaactagtacta	333
TPST1	12	intron 2 -18501	ttggaaggttaacttaagtga A/G gtgcctgaaaaacagggata	334
TPST1	13	intron 2 -159	gaatggggattttccctcag C/G ctgcccactggctgctcttg	335
TPST1	14	intron 2 -19	acctgttgccttaaaactcac G/A cctgtttgtttttccagggt	336
TPST1	15	intron 3 158	tgtctgggaagaaagatgac C/G gtctgggactgtgtgatttt	337
TPST1	16	intron 3 3779	agcaggggcacgtcacccctc C/T ggcacacccatgtgttcacc	338
TPST1	17	intron 4 292	ttgtatttttcattatgaac C/T atgaaatatttcagctgaaa	339
TPST1	18	3' untranslated region 1518	gttgctgtacatgttctaa T/G gttttgtagaacacgtgtgc	340
TPST1	19	3' flanking region 264	acgggtgcttggcctgcattta C/T cattttgtagtgaagtttct	341
TPST2	1	intron 2 578	tcacctatcatcctcactgc G/A aggatgccaggataccctccc	342
TPST2	2	intron 2 789	cttaagccatcgtgcaggtc A/G ttgctgtcttctgtcacttt	343
TPST2	3	intron 3 2009	cccaggctggagtgtagtgg T/C gtgatctcgggtcactgcaa	344
TPST2	4	intron 3 2017	ggagtgtagtgtgtgatct C/T ggctcactgcaacctccgcc	345
TPST2	5	intron 3 2035	ctcggtcactgcaacctcc G/A cctcccggttcaagcagtt	346
TPST2	6	intron 4 104	aatgttcagttctctcaattc C/T tggctatctgattttgttct	347
TPST2	7	intron 4 379	taaataataaactatttgtt C/T cctttctgtcttataaggt	348
TPST2	8	intron 4 588	tactgcagcctgatacttct C/T ggcttaagccatctctctac	349
TPST2	9	intron 4 626	caccocaggctcctcagtag C/T taggactgcagggtgcacgcc	350
TPST2	10	intron 4 718	cccaggctggcttagaactc C/G tggccgtaaggatgccct	351
TPST2	11	intron 4 873	gttgatggccttattttatc G/A ttccattacagcttctagt	352
TPST2	12	intron 4 949	caaatatttgaaaatggggac C/G caggcctgaggaaagagcttt	353
TPST2	13	intron 4 1033	taagctcagcattttctgagc G/A tgtgtctgattttaggaaata	354
TPST2	14	intron 4 1051	gcgtgtgctgatttttaggaa A/G taaacagttatcgtattgaa	355
TPST2	15	intron 4 1356	gattcaacgtacataccagc C/T gacattgacagggtgaatggc	356
TPST2	16	intron 4 1707	gtctccttaaaaagggtggct G/T ctgcccctggcttgcccag	357
TPST2	17	intron 5 215	aagaccagcctgacacaaac G/A gtgaaacccgctctctacta	358
TPST2	18	intron 5 341	tgggaggcagaggtgcagtc G/A agctgagatcacgcggttgc	359
TPST2	19	intron 6 31	ggacttcactgggggttccc G/A ctgcttctgggtggcccgg	360
TPST2	20	intron 6 273	gtttgtctgacactggggac A/G gggcaggaagcaccactatg	361
TPST2	21	intron 6 693	aaagggattttttgaactt G/C gtaattcaaaagatttaagat	362
TPST2	22	intron 6 1635	tcctgggtacagagttggcc T/G tgaacaaacatgagtccttc	363
TPST2	23	3' untranslated region 1147	cttcccactttcagatctc C/T gcaaatgacttcattggccaa	364
SULT1A3	1	exon 8 843	cgcttcgatcgccgactatgc G/A gagaagatggcaggctgcag	365
CST	1	intron 1b 6302	agagctccccagagaggact A/G tgaggctgcatgatgatga	366
CST	2	intron 2a 1004	gagtgagaccccatctctca C/T aaaatttttttttaaaagta	367
CST	3	intron 2a 1395	atgcctaagtttacagtacg T/C aggcaggaaaggcacaacca	368
CST	4	intron 1d 473	ccagagcctgaggttgggtgc T/A ggggccccctccatggctgcc	369
CST	5	intron 2b 726	ctatctctccagtgctctc T/C gtccctgtctggaccctgct	370
CST	6	intron 2b 745	ctgtccctgtctggaccctg C/A tggggggccacagagcaggc	371
CST	7	exon 3 85	tcactagtttctgtctgtg G/A tgtactcctatgccgtgccc	372
CST	8	intron 3 308	tcgtctgaggtcaggagttc G/A agaccagcctggccaacatg	373
CST	9	intron 3 853	ttttgtcctataaaatggca G/A ttctatgtggcccaagctga	374
CST	10	exon 4 198	gaggcagtgatccgggcca C/T ggctcggcggggagtgcca	375
SULT1C1	1	intron 3 2280	gcaaatttttgtattttta G/T tacagtacagggttttaccat	376
SULT1C1	2	intron 3 3742	gcagatctcactttctggca G/A attccctgaatttgcctccc	377
SULT1C1	3	intron 3 4453	ttcatagggcttttccctca C/T ttgtttgttaattttgtata	378
SULT1C1	4	intron 3 5234	gaaaagagactagaggcagg A/G gacgtttgcagtttctctaa	379
SULT1C1	5	intron 3 6175	tggctggcagggaagtgagg G/C agtctctcttctctgtgtcc	380
SULT1C1	6	intron 4 205	acatgaaggcaggatccaga T/C tgaatgtttggagggaacta	381
SULT1C1	7	intron 4 408	ggctcacgcctgtatcccca G/C cactttgggaggccgaggcg	382
SULT1C1	8	intron 4 429	cactttgggaggccgaggcg G/C gtggatcacaagtcaggag	383
SULT1C2	1	5' flanking region -110	tcctgttaactcacagagaa C/T ggaagggctggaacgggacc	384
SULT1C2	2	exon 1 15	acactaatggccttacacga C/G atggaggattttacatttga	385
SULT1C2	3	intron 1 297	gtagactgtttattttatc A/C ttcccaatctaggcccttat	386
SULT1C2	4	intron 1 363	gagtggtgagctagaagg T/G gatctctgagctgatttggg	387
SULT1C2	5	intron 1 2300	gggctactatcagagccac C/T acctcaggaaggatgacttc	388
SULT1C2	6	intron 2 455	aagacttggaaagcaataga T/G aaaaaaaaatcgtagaat	389
SULT1C2	7	intron 4 55	caaaatctccaaacacctta G/A aaggaaagaatcttttcttt	390

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
SULT1C2	8	intron 4 111	ctgccttctttaaattgaaca T/C tctcacttctcttcaggaa	391
SULT1C2	9	intron 5 1657	ctttgtgtttactttgtttt T/C acttgggtacaaaagtgtgt	392
SULT1C2	10	intron 5 2082	tctgtccttagagatggagg C/A gtcccacagccacagtgtg	393
SULT1C2	11	intron 6 933	agctactgaacctctccac A/G taactgtatttccagggcag	394
ST1B2	1	intron1 80	acttgtccataaaatcatta C/T cttctaaataaagttaata	395
ST1B2	2	intron 2 -352	aacatttaaataagtcattta T/C agcaatgcacaggataata	396
ST1B2	3	intron 2 -85	attacataatgctcaaaaat G/A tcttgaaaaactggttgcca	397
ST1B2	4	intron 4 460	gtacttgacattaaaaata T/C ctgatgtttatataccata	398
ST1B2	5	intron 4 470	ttaaaaaatatctgtatgtt A/G tatatccataaaatagcta	399
ST1B2	6	intron 4 518	tttaagattgtcctcatatt C/G ttacttcttgggttactaa	400
ST1B2	7	intron 4 616	aatgtttatgaaaatagact T/C ttatctggttttagtggcct	401
ST1B2	8	intron 5 58	ctgcatcatgctgtaaaagg G/A ttgatatttgccttccaact	402
ST1B2	9	exon 6 612	taatagaatccaaaggagg A/C atcaagaagatcattagatt	403
ST1B2	10	intron 6 582	aatacattacttccatttaa G/A tagtctgtttatgttggctt	404
ST1B2	11	intron 6 3130	agatgtaaaaaatattcaaa A/T ttttaaaagcctgaaaaatt	405
ST1B2	12	3' untranslated region 907	tttaagtgctcaaatcaca C/A atctgaagaataaagagatt	406
ST1B2	13	3' flanking region 50	tcagatcccagttttgttcc T/G ttgattctgagtttccaaat	407
ST1B2	14	3' flanking region 328	tttgaccaggacactgtgt T/G ccactgctgtctaccgagtt	408
ST1B2	15	3' flanking region 446	gtagtccagattttggaat C/A tttttctatatacatacta	409
CHST2	1	5' flanking region -260	agccggacagtcgcgcggc G/A gtgatccggggccgcctccc	410
CHST2	2	5' flanking region -56	gcgctggggaccagccggc C/T gccgcctcggagtcggcgc	411
CHST2	3	3' flanking region 218	aggagtgaacacatctttg T/A attctaaaggcagaaccaa	412
CHST2	4	3' flanking region 383	gcagagaccatgttttgg G/C ctgaggctggttcagaaaa	413
CHST2	5	3' flanking region 952	tactgaacattctgcagaa T/C gttataactatgagaagaaat	414
SULT2A1	1	intron 2 478	ggactgggctctgtacacac T/C tctgttactgtgtgtaaat	415
SULT2A1	2	intron 3 382	caaaacccctcttaattatt G/A ttctatctgtctcagaact	416
SULT2A1	3	intron 3 409	tctgtctcagaactgattgc A/G tgactctaggatcgtatat	417
SULT2A1	4	intron 5 249	agctggaaattacaggcaca C/T gccaccacaccagctaatt	418
SULT2A1	5	intron 5 395	aggcatgagccacggcgccc G/A gccatttatcagctttaat	419
SULT2A1	6	3' flanking region 33	ttccttggttaaaagttaacca G/C ggttggccaggcacgggtgt	420
SULT2A1	7	3' flanking region 46	gttaccagggttggccaggc A/G cgggtgttcatgctgtaat	421
SULT2A1	8	3' flanking region 199	ttagccaggcgcatgtggc G/A tgtctgtaatcccagcatt	422
SULT2B1	1	intron 2 4162	ttctccctctcctcaccat C/T cgcacacaggtgatctacat	423
SULT2B1	2	intron 3 879	gagggcattccagctctggg G/A ctggacctgggggtttgtg	424
SULT2B1	3	intron 4 3882	ttccacgctccttcccttggc C/T gaggctccctccctcgtga	425
SULT2B1	4	intron 5 1780	cctgcagaagggggtccctt C/T catgtccaagcagtaattggc	426
SULT2B1	5	intron 5 1814	taatggctgcagcatggagc G/A ttgtggggcattgagacag	427
SULT2B1	6	exon 6 789	ccctcttctccagggtctg C/T ggcgactggaagaaccactt	428
CHST4	1	5' flanking region -1092	atgaagccttgtgcatctc G/A ctgtgtcgtgccagcacctg	429
CHST4	2	5' flanking region -941	ctgcagagagaaaacaggaa G/A ggaggaaagccacacaaat	430
CHST4	3	intron 1 -150	caggaaatgatttggagaag G/T actggtgcaattgttggcac	431
CHST5	1	intron 1 -144	ggcctcttaggtttcagcca A/C gacaggtgactcttagcacc	432
CHST5	2	intron 2 17	caacgtaagagcgttttcca T/A tgtccagctcctttgtttct	433
CHST5	3	intron 2 139	aatccagcactttgggagg C/A ggagatgtgcgagtgatga	434
CHST5	4	intron 3 1829	gactgtatgtctgtattca T/C ataggaaacaaataattcatg	435
CHST5	5	intron 3 2037	aaatgaaacaaacacacaa C/G tgcagagaagcaaacaaaa	436
CHST5	6	intron 3 2134	aagcagctaaattgtgttcc G/A tacagggtgcaattaggcagg	437
CHST5	7	intron 3 2528	atggtaaaagtccgctgggt G/A cagtatgtcagcatcctgct	438
CHST5	8	intron 3 2674	gcacttatctagaaaggcc A/G tttctgaagactcagcagga	439
CHST5	9	intron 3 7039	ctggctcccgccggccacc C/T gggaccgcagccacgtctga	440
CHST5	10	intron 3 7211	gtagcccccaggacaccccca T/G cctcaacatcccattctggg	441
CHST5	11	intron 3 7294	ggagcttccagtggttggct T/C acccccgaactcttctgcat	442
CHST5	12	intron 4 108	gcagggtctctgcactctga G/A ggggcaatcacaggtggag	443
CHST5	13	intron 4 402	agcactggaaaaagtacagt T/C gcactgttagcggaggtggg	444
CHST5	14	intron 4 547	ctcctgtcccccagcttggg C/G gaaggagcagaggtgagatc	445
CHST5	15	intron 4 1142	gccccaggtctcatagctcc C/G cattggcagtgctggattt	446
CHST5	16	intron 5 1187	cactgggcagtaattggggc A/G tggggtggcagtagggccc	447
HNK-1st	1	intron 1 139	gtgttttggcagcttgaaga C/T ctccctagttcgcggagta	448
HNK-1st	2	intron 1 1020	acctgagcagaaaattctct T/C cttcgtgaaatgaaaattg	449
HNK-1st	3	intron 1 1091	aagaatttgaacatcaca G/A gcaacttgcagttatattcg	450
HNK-1st	4	intron 1 1971	ctataactatttcaaacata C/T gaaacaggcataattggatt	451
HNK-1st	5	intron 1 2096	atttagaatattcatttacc A/C agaaatccaaatataacctg	452
HNK-1st	6	5' untranslated region -91	ctatccagtgacaagaggaa C/A caagaacctcagttcagggg	453
HNK-1st	7	intron 2 -530	agtggcggaggcggagaaag G/A tcagtggttcatctcttggct	454
HNK-1st	8	intron 2 -466	gctacatcttgcagccagt C/T agaatttttaaacacagccag	455
HNK-1st	9	intron 2 -92	acggaaatatttgcgtgat A/T cttactgactgaaatcacct	456
HNK-1st	10	intron 3 152	catggcctccgttcccttca G/A ttacagaggtgtgaggggag	457
HNK-1st	11	intron 3 312	cacagtgcccttatgctttg C/T agcagggcgctctcaggct	458
HNK-1st	12	intron 3 1948	tcctttgatgtatcaagttt T/C gtgctgaatgttttcagttg	459
HNK-1st	13	intron 3 2140	ttacacctggagaggagcac C/T gcagcggtcccttaactgc	460
HNK-1st	14	exon 4 187	agaagcacattcctgaggaa C/T tgaaggtgggcacagccagg	461
HNK-1st	15	intron 4 581	cctgatcattccctagctgg G/A atgaggggtgcactctggaa	462
HNK-1st	16	intron 4 615	cttggaggcctctcacttc G/C taacccccattctggatota	463
HNK-1st	17	intron 5 7	gattgttctaaatggtgtgt G/A tgggtctactgaatgtccac	464
HNK-1st	18	intron 5 123	acctgaaggagctggggcc G/T tccagacaggcctgtttttg	465
HNK-1st	19	intron 5 721	ataattatgggctctgctta T/C gaaattttagcttcagacagg	466
HNK-1st	20	intron 5 867	tgctgccacagagtcgggt G/A tcaactcctggccactgtttg	467
HNK-1st	21	exon 6 444	ccaggagcatittcttccat T/C gaggagatccccgaaaactg	468

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
HNK-1st	22	intron 6 94	ctgagttctgtacttggcag A/G ttgatcggaggaccacagag	469
HNK-1st	23	intron 6 247	catgaaggtgacatatttt G/A ttaatagaaattagcaggca	470
HNK-1st	24	exon 7 696	aggaggaaaccggacagagac C/G cgggggatccagtttgaaga	471
HNK-1st	25	exon 7 870	gagaccctggaggacgatgc C/T ccatacatctttaaaggagc	472
HNK-1st	26	3' untranslated region 1110	tcaaatatctttatttagacc T/C ggggctaaccagggtgaagat	473
HNK-1st	27	3' untranslated region 1178	ccacacccctcctttggagga C/T gccgggggtctcccacaggc	474
HNK-1st	28	3' untranslated region 1393	ggaagcatcacacagcggtta G/A gagccgtttccttcagggtgt	475
HNK-1st	29	3' untranslated region 1452	tgaggttctcctggctagtc A/G ggggtgcttccaccatcact	476
HNK-1st	30	3' untranslated region 1540	gcaagggggctgctgaaatc G/C cagagacttttgcagcatca	477
HNK-1st	31	3' untranslated region 1696	gggtggtgtggtgtccaggg G/A tccatctttccagaatccat	478
HNK-1st	32	3' untranslated region 1829	agggagggtttttctacact G/A agaaggggagtgcttttgag	479
HNK-1st	33	3' untranslated region 2211	tccagcagtcgggcttccctg G/T caacaaggtaggccctgggt	480
HNK-1st	34	3' untranslated region 2212	ccagcagtcgggcttccctg C/T aacaaggtaggccctgggtg	481
HNK-1st	35	3' flanking region 1016	cacacgaaggtgtgactca C/T ggctgcaggggcaccagggt	482
HNK-1st	36	3' flanking region 1152	gcatgctttgtctcactgga A/C tctccagaagcagggaacag	483
HNK-1st	37	3' flanking region 1291	gccgagaccctcaggagat A/G gtgcagttacagggctgagc	484
STE	1	5' flanking region -605	caggtttctaaataataat C/T gaaaggtgagtgatgtttac	485
STE	2	5' flanking region -536	taaaattttcaggtctgtt A/G agagttaaaggcaaaagatt	486
STE	3	5' flanking region -231	cttcttccccaacccctg C/T gccagacttgggaatttgaa	487
STE	4	5' untranslated region -64	tgcagcttaagatctgcctt G/A gtatttgaagagataaaac	488
STE	5	intron 1 69	aaatatagaatgaaaattat G/A tattacaagctctttaaana	489
STE	6	intron 1 311	caatgagaaaataaagcaag C/G agggtagaaggaggtagaat	490
STE	7	intron 1 655	tctaagaagtagggaact G/A agaaccctatgtatctata	491
STE	8	intron 1 671	ctatgagaaccctatgtat C/T tatatccaccatagttattct	492
STE	9	intron 1 772	aaaaggcaggttgggaagatg C/A aggggggagtagtcagaaa	493
STE	10	intron 1 1715	taaccatctgtcttaacctt A/G tcatttttagccaagtctatt	494
STE	11	intron 1 1928	aaatgatacatattcaggaa A/G tcaaaaatctctgacttaga	495
STE	12	intron 1 1953	aaatctctgacttagatacc C/T ggcaataataatcaaatgt	496
STE	13	intron 1 2087	aatitttgaagaaattggaag I/G tctgtggtttttattttatca	497
STE	14	intron 1 2323	taggtatgtaggagggtccc G/C ttatatacatagttgttaat	498
STE	15	intron 2 165	tctattccatgaccacaatt I/G ttacctgtaacttgtaagt	499
STE	16	intron 2 1707	cctaggacccaacatgagac A/G taatataccatcagtaaaat	500
STE	17	intron 3 850	ggtgtccattccctcaagaa I/G ttatactttgtgttacacac	501
STE	18	intron 4 1653	agtaacaggctagtagataa I/C ataaataactgaggccaacg	502
STE	19	intron 4 1899	tacatgaacttagagaacta A/G gtatgacacacacaccaaca	503
STE	20	intron 4 1930	cacaccaacaataaaattac A/G cagaatgataaaagaatttg	504
STE	21	intron 5 666	ttctgatcatgtagtaacaa I/C tataaagaaaaataaatgt	505
STE	22	intron 5 982	aggcaaaagcagaacctttt G/C ctcacacacattatattat	506
STE	23	intron 7 369	agattttattctctctctt I/C ttgagttgaagaaataagtt	507
STE	24	intron 7 447	cacctttcaagggttaagttg C/A aaaaaatagaaattcaata	508
STE	25	intron 7 672	aatcttgcctctttgaacct A/T ctgtcagtgagagtcaggga	509
STE	26	intron 7 856	gtttacagaggacttaaaac A/G gtgtgtgtgtgtgcaaacgg	510
STE	27	3' flanking region 218	cagctcccaagtagctagg A/G ctacagacatgtgcaacct	511
ADH1	1	5' flanking region -55	atcatgtgtggaactggat C/T ggggtttattcaagcaaaa	512
ADH1	2	intron 1 268	acatttggcgttaaaagcgata A/G ttatttccaagctaatacat	513
ADH1	3	intron 3 442	aaatggaggctacatggcta C/A ggctgaatgagcatgacctt	514
ADH1	4	intron 6 56	tacaacttggaggatgcaat I/G aggcctgcagaatataatgtt	515
ADH1	5	intron 8 74	gtctagcagaaaatgaaaag G/A tgaaggatgagaaaaatta	516
ADH2	1	intron 2 340	ctattttttaaagcgtgcat I/C cttaacataagacttaaatat	517
ADH2	2	intron 3 91	aaggcaatgagagacgaag I/G gcttgacacagggtcaccgcg	518
ADH2	3	intron 3 205	atgtattgtaccttcaacc A/G ttatgtacagagtatctact	519
ADH2	4	intron 7 108	acaattgacaaggcaagatt I/C tgaaaaacaatacaaaaataa	520
ADH3	1	5' flanking region -254	tgagagaagagaagcagaa C/G ttgagagaggaggagagag	521
ADH3	2	intron 2 355	tatgcattctctatattat A/G caagacaaaaattttaggat	522
ADH3	3	intron 3 32	acactcagggaacatgcctt G/A gttccaccatcacaagattag	523
ADH3	4	intron 4 6	ctgcttgaaaaatgagtaag C/T ttctgatgctttctttgcac	524
ADH3	5	exon 5 453	agccacctctccagtagcac A/G gtgggtgatgagaaatgcagt	525
ADH3	6	exon 6 815	ttcgtttgaaagtcactggatc A/G gcttgacaccatgggtatgat	526
ADH6	1	intron 3 249	tgaactggacttgaagta C/A aaatgagacaaaaatttatg	527
ADH6	2	intron 6 1072	taacccctatactgtattgc A/G tcacttttcaacaggcagct	528
ADH6	3	exon 7 885	gtctgtgtgtgtgtgtgggt G/A ttgcctgccagttgttcaact	529
ADH6	4	intron 7 1292	gttgagaacactgcctagt C/A ccgtctgtgtgtctagaatt	530
ADH6	5	intron 7 1616	ctatcacagaataatccgca I/C agaacactaaagcagattacg	531
ADH7	1	5' flanking region -528	gttgacagacagaaagttt I/C acttaactttctacacctaa	532
ADH7	2	intron 1 361	tcagttagcatgtgctgact C/T gctgcagtagttcaatggga	533
ADH7	3	intron 3 183	aacctcaacctttagaaggc A/G aaccttacgggtgtttataaa	534
ADH7	4	intron 4 76	tgaattgaattaataatcag G/A tgtattttgatgtatcaaaaca	535
ADH7	5	intron 6 615	tggcatagcgttaaagagact I/A ggaanaatggaataagcca	536
ADH7	6	intron 8 532	aagtctaaccatatacccaa I/C ttagtatgccattgtactat	537
ADH7	7	intron 8 651	gctgctatttttttcaagta G/A gccacaaaaattccttattt	538
ADH7	8	intron 8 760	cattttttagatgaagaccaa I/G gttgtgaaagcaataaata	539
ADH7	9	intron 8 1207	tctccacatttggcttagcc I/C acaggatcatcatattatga	540
ADH7	10	intron 8 1691	tcctcatctcattgcccac G/A ctcattgttttaattcagtc	541
ADH7	11	3' untranslated region 1364	atttacattttgttaaggcta I/C aattgtatcttttaagaaaa	542
ADH7	12	3' untranslated region 1498	gatatagtaaatgcattccc I/C agagtaaatattcacttaaca	543
ADH7	13	3' untranslated region 1584	aaacactgttatagatttaa C/G ttggattacattttgaaatc	544
ADH7	14	3' untranslated region 1818	aatataaacatagagctaga A/G tcatattatcatacttatca	545
ADH7	15	3' flanking region 865	tacatcaaaagaaaataatc C/T aagaaggaataaacacattt	546

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
HEP27	1	5' flanking region -191	tcagcactctgtgtctagct A/T aagggtttgtaaatgcaccaa	547
HEP27	2	5' untranslated region -163	gaacccatcaattccgtaca C/A attttgggtgactttgaagag	548
HEP27	3	intron 1 1941	aaattttacctaaccagcct G/C actctctgccactttctgtt	549
HEP27	4	exon 3 289	ttgtgtgccacgtgggggaag G/A ctgaggacccggagcagctg	550
HEP27	5	intron 4 1070	tgctcagttcacaggaatca T/C gactctttttctcgaactg	551
HEP27	6	3' flanking region 362	ggcctttgtgtgtgtccatt A/G tctgaactgggctgctggg	552
L1CAM	1	intron 1 + 767	tttgacttccctacatgggt G/A actgtgtgagtcactctgtt	553
L1CAM	2	intron 1 + 862	gcattgggtcatgtgtatgt G/C tgagtgggctgaatgtaag	554
L1CAM	3	intron 1 + 1332	cagggatgaaggagcagagc C/T gctgagaggccacacagtg	555
L1CAM	4	intron 4 + 502	tttccctggggttttccctt T/C gcattccatccctccctgagc	556
L1CAM	5	intron 18 + 147	agcgacgttatgaaattccc C/A acacttcacatttctataat	557
L1CAM	6	intron 24 + 221	ctccttagccccccagaggg C/T cccaactttaagagcatact	558
AANAT	1	5' flanking -542	aggggtgcaggatgggtgt G/T agctggaggggcaggggtag	559
AANAT	2	5' flanking -263	ccccccacataagagggtggc C/G ttgtccaagactccgagggg	560
AANAT	3	intron3 39	cgcccgatccaggaggagcc T/A ctgaagacagaggctcagcca	561
AANAT	4	exon4 150	cagccggccgtgcccggggc C/T gcgctcatgtgcgaggacgc	562
ARD1	1	intron1 + 317	cogtcggtctgtctcgcccc C/G ctccctcggggctgggcagg	563
ARD1	2	intron6 + 322	gtcctcagcatctgctcac G/A ccagggacccacacctctct	564
ARD1	3	intron6 + 1095	aagggtccatctctgagacaa A/C aagtcaggtgtgacctgccc	565
ARD1	4	intron6 + 1179	aggaggaagacctgtatccc A/G gggacacctcctccactcc	566
ARD1	5	intron7 + 159	ccctcaggctgctaggcaga C/T ggcctcctctaagccagc	567
ARD1	6	intron7 + 295	tgaccagccctgccaccoga G/T gagccttggggcagaacctgt	568
ARD1	7	intron7 + 416	actaccatggaggcccccac G/A acagagcgtgccccttgac	569
NAT1	1	3' UTR 215	aataataataataataaa A/T aaatgtatttttaagatggc	570
NAT2	1	exon2 867	cggtgccccaaactgtgtatg G/A atcccttactattttagaata	571
NAT2	2	3' flank 521	ccatccatacttttgccacaa G/A agaaggaacatgagctttat	572
NAT2	3	3' flank 573	gatttgaatcctgtggaca C/T ggggtgaattacttttaaaa	573
NAT2	4	3' flank 918	attttctgtttgtaaattcc A/G gtatcagggtctatagtttaa	574
NAT2	5	3' flank 979	actattctccctcttcgact C/T gtgatgactataataatctt	575
NAT2	6	3' flank 1958	tacctattgaagttaagccta C/T gtcataatccacctatttgtt	576
NAT2	7	3' flank 2034	ccactgattccagagctag T/G tcattaagaagacagtgccct	577
NAT2	8	3' flank 2201	cagattactggagggtact G/A ttgtctcaccatgcacaaatg	578
NAT2	9	3' flank 2818	gggatatttctctctttct C/G cccagtgcatgttggaacc	579
NAT2	10	3' flank 3237	atataatattccaattaaaaa A/Δ caaaataaatttccgaaact	580
NAT2	11	3' flank 3386	caacaaagagatttttttaa G/A ctttttaaaacaccagacag	581
NAT2	12	3' flank 3660	cagcactatttgcgaatagca A/G agatgtggaatcaatctaaa	582
NAT2	13	3' flank 3973	agcagaaaaataaataatg C/T gtactaggcttactacctgc	583
NAT2	14	3' flank 4029	caaaaacaaaccccatgaca T/C gagtttatctatataacaaa	584
NAT2	15	3' flank 4118	ataagattaatatctgcata C/A aaatctttgtttacagcttg	585
NAT2	16	3' flank 4146	gtttacagcttgttatata C/T tgaattatgtctgtccccc	586
NAT2	17	3' flank 4279	ttaatctgataggattgttg G/C ctttataagaaaaagaaaag	587
NAT2	18	3' flank 4323	ttgctctctccccagtgtag T/G taccaggaagagccatgtg	588
NAT2	19	3' flank 4446	tcaattggctttatctgcga T/C tctggaatcaggcaatactc	589
NAT2	20	3' flank 4462	gcgattctggaatcaggcaa T/C actccatttcataaaacaga	590
GZMA	1	5' -flanking -462	cctcagcttgacatttggcct A/G ctaattcttatataatccaa	591
GZMA	2	5' -flanking -172	agcctgcctgtctggcagtg G/C ccacatccaccattctcac	592
GZMA	3	intron1 1949	gacataagggtctctctatc A/T gcagtgtatgggttgccttg	593
GZMA	4	intron2 + 683	gactgcgtgaccaggtggaa C/T tagcctcagcatggaaggtg	594
GZMA	5	intron2 + 1250	gttgggttagtttatactag G/A ttatgaatgatagccttaat	595
GZMA	6	exon4 + 105	tgccaaagttgcagggtgggg C/G aggactcacaaatagtgcatc	596
GZMA	7	intron4 + 696	atagagccttacctgaagaa A/G ggtgtgcagtatgcatgtgt	597
GZMA	8	intron4 + 1141	ctgttcaggaggatcccg G/A ttccaacatggttctttatt	598
GZMB	1	5' flanking + 529	gcctccgtctcacaccaaca A/G gcagatttcccaccacggc	599
GZMB	2	intron3 + 141	gagggaaagattgtgcagccc C/T atcaactgtgtcggggccagc	600
GZMB	3	flanking + 448	ttttcaggggcctgtccctcc G/A atggggggcaggcttctccca	601
ESD	1	5' -flanking -333	gtcttgggacagaggagtgg G/A gggagtgaattaggccct	602
ESD	2	intron 1 603	gtcattttctgatggggtcat C/T agggaaatgggattgagcgc	603
ESD	3	intron 1 717	tggtgtgtagaagcagcatt C/T taagcactacgtgaattaac	604
ESD	4	intron 1 1864	gctttcatgcaggattgac G/C tagtgggtgtatttaggaag	605
ESD	5	intron 1 2389	ttttgggaacacctgtctag G/A ttttaagagccagtggaata	606
ESD	6	intron 2 21	taaaactgtttttattgttta T/C atgttactctgaacattgaa	607
ESD	7	intron 2 588	taaaatagttatctctctct G/A taagttcattattttaagata	608
ESD	8	intron 2 1498	tagaaaaatgtgtatcacac C/T gtaagtgttcagtaagtta	609
ESD	9	intron 3 92	ctttatctagatattatagt C/A cctcattttacttttaaac	610
ESD	10	intron 3 422	gtaaagagattaaacacaca C/T gcacacatacatatacctat	611
ESD	11	intron 3 581	agaaaacctgagaaatgaca C/T aatttattttaagccatagt	612
ESD	12	intron 3 2270	gccagtaattacatgtagcc G/A ttacatcaaattagctaat	613
ESD	13	intron 3 2951	taatgaaagtaaatgtttca A/G cttccctaacaaaagtggaa	614
ESD	14	intron 3 3001	aaatgtcagaaatttttgt G/A ccgtcagtcacacaaagaa	615
ESD	15	intron 3 3096	aaggagcatcacagaaaact G/C ccatgatggggccttggg	616
ESD	16	intron 4 2611	tctaatagtccccagtattta A/G tgggtcacatcttcatgtcc	617
ESD	17	intron 5 390	tcttttttcatctctgttaa C/T atcaaccatacagtttaaca	618
ESD	18	intron 7 107	ttagtattggaaactaaact T/C tctagtgttgagaactttgg	619
ESD	19	intron 8 1090	aaattctaactaattaaagg G/T ttcattccttttagtaactaga	620
ESD	20	intron 8 1651	tataaagtgtgtttaatga A/G tatatatgaataagaatatt	621
ESD	21	intron 8 2047	agaaggaaaaaggccatttt G/C ttaagaatccctgagatatg	622
ESD	22	intron 9 -3490	atagaaggagaggtatact A/G cctccttaagtctcaggacc	623
ESD	23	intron 9 -2596	actaaggataaaaatatggc A/G tactcagtcacattggaact	624

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
ESD	24	intron 9 -666	aggcccttaatgacatatctc T/C cctcacataaagatacaaca	625
ESD	25	intron 9 -660	taatgacatatctccccc A/C ataaagatacaacatgcttt	626
ESD	26	intron 10 799	tatggtaactgaagaaatg A/G cattaagttcctaaagtatt	627
DDOST	1	intron2 629	attctgttaagaagttctta T/C attaagaaatattgtctcct	628
DDOST	2	intron2 3125	gagaatataggagctctgc G/A tatgctgaaagtcagtcag	629
DDOST	3	intron2 3920	attactcatttaataaataa A/G tggattactgagcactgtct	630
DDOST	4	intron3 189	actgctgtccaggggtccat C/T tggggctgagcccagctgga	631
DDOST	5	intron6 185	ctgtcctctgttcggggagg C/T gtggcagcttttcccttact	632
DDOST	6	exon8 37	aactatgaactagctgtggc C/T ctctcccgctgggtgtcaa	633
DDOST	7	intron9 37	tcctgcccaagaatgctgcc A/Δ aaaaacggccccagggcctca	634
MGST1	1	5' flanking-6	tcggaccctgaacaggagg G/C gacatcgtgacaaagcaaat	635
MGST1	2	intron1A+330	atcagcaggcgatgggttact C/G tggcgggtaaatcagggtga	636
MGST1	3	intron1C+1428	gtaaaggggaaagggcgttcc T/A caactgagaagtgaagattc	637
MGST1	4	repeat	attatttgcctcactcagg G/A tttttcgggtcaagcgagat	638
MGST1	5	intron1C+2914	ctcatcagggtgtgtcaga G/T ggcttgggtgctggccagct	639
MGST1	6	intron1C+4274	attgtaatatagtaacaaag T/G ttatgaaagttagtgtacata	640
MGST1	7	intron1C+4276	tgtaatagattaaacaaagt T/G atgaaagttagtgtacataat	641
MGST1	8	intron1C+4306	gtgtacataatgtacatagt A/G tagttgaacacatagcaagc	642
MGST1	9	intron1C+4406	gatggctatatgaccaataa T/A gatacatataaatgtataga	643
MGST1	10	intron1C+4464	agaaagattgcagctgaatag A/G tgcaggcttaataaggacac	644
MGST1	11	intron1C+4683	aatggcagaggactggaaat G/T tacattttaagctttaccct	645
MGST1	12	intron1C+4767	gccttctcttcagcacatt C/T ccaattatacttccaaattcc	646
MGST1	13	repeat	atttcaatttttttttttgg G/A gggggagacagagctcact	647
MGST1	14	repeat	aattacctcccaaggccctc A/T tatccagatactatcacat	648
MGST1	15	intron2+2379	ttctcaaatttcattatata C/G tattcttcaacccaaagtgt	649
MGST1	16	intron2+2767	tttaactatagatgctctt T/G ctctcttgtgttttgattta	650
MGST1	17	repeat	tcactgcagcctcaacctct C/T gggctcaggtgatcctccaa	651
MGST1	18	repeat	aaaaaaattttagatattg T/G tactcctatgttggccagg	652
MGST1	19	repeat	ctccctatgttggccaggct A/G atcttgaattcttgggctca	653
MGST1	20	intron3+1495	gtcagacaatggccttcagc G/A tcctctctttgcagaatatg	654
MGST1	21	intron3+2528	ttttggagacattttcaga G/C agagcgtttccagcatcttc	655
MGST1	22	intron3+2567	tccttttccatttttaagtt A/Δ gactttttttttccactct	656
MGST1	23	intron3+2731	atacacatatggaacaatta A/C ctaaaaacttaaggtaatat	657
MGST1	24	intron3+3288	gggtttatagtttcccccc C/Δ tccccgcccccaaaagacc	658
MGST1	25	intron3+4288	ccattctattttgtcaactgc G/A taacacaggcgtagaagtgg	659
MGST1	26	intron3+4378	aaatgtctgtccttttggca T/C gttgtgaaggagaacactaa	660
MGST1	27	intron3+4429	attggagggtgaacatctc T/C gtgatgctgggggagaaatc	661
MGST1	28	intron3+4817	attgctatagaagagagtaa C/T gtaaagcagaaatagttttc	662
MGST1	29	intron3+6077	tttgaaattagttgtcttaa T/C agttatctttttccacagag	663
MGST1	30	exon4+304(3' UTR)	aagaattctgtacttccaat T/G tataatgaatactttcttag	664
MGST1	31	3' flanking+1581	tcgtgtgtcatgaacactga C/T gcgtgcacgcgcacacacac	665
MGST1	32	3' flanking+1729	tatgtggagcaatttgaata A/T agtatattctaagccattaa	666
MGST1	33	3' flanking+3407	ggatcactgtcaaatgccc G/A gagtcaactccatgtcccagt	667
MGST1	34	intron1B+36	ggagaaggggagccgtagca G/A aggggtggcagggcaggagg	668
MGST1	35	3' flanking+25	gggtaaaccatttttgaata T/C tagcattggccaatatcctgt	669
MGST1	36	exon4+266(3' UTR)	aaagaaaatcatacaaatca G/A catccagttggctttttaag	670
SULT1A2	1	intron 4 1728	tcagcttctccttttggcaa A/Δ ccaagagatgagctggcctg	671
SULTX3	1	intron 1 6415	tgacctctcctgttagtgt G/Δ ggggcagctctttccaggtgt	672
SULTX3	2	intron 5 2457	gcctttaaagggaagtctat C/Δ ctctctgccttccaggctc	673
PIG3	1	5' untranslated region-93	tcgcgaggatagacagggcc (CCTGY)x cagacaatatgttagccgtg	674
ADH2	4	intron 7 + 108	acaattgacaaggcaagatt T/C tgaatacaaatcaaaaataa	675
ADH2	5	intron 3 + (1721-1723)	actgcatagaataatttagaa GAA/Δ ctgtttttattcctctccag	676
ADH2	6	3' untranslated + (2305-2306)	gttaatgctttccactctc AG/Δ gggagagatttgcaatttga	677
ADH5	1	5' flanking - 115	taactgctgtaaagttaacac G/A gggagagccctttcccgacaa	678
ADH5	2	5' flanking - 114	aactgctgtaaaagttaacac G/A ggaagcccttttcccgacaa	679
ADH7	16	intron 8 + 727	ttcagatccctgtaagccag G/A tattatttttaccattttta	680
GSTM1	1	5' flanking - 694	tacgaagtggctaatttaca C/T agtacttagccagatgaccg	681
GSTM1	2	5' flanking - 661	gatgaccgaaggactcagta C/T ccgaggggcccttaacagaaa	682
GSTM1	3	5' flanking - 658	gaccgaaggactcagtaccc G/A agggcccctaacagaaaaa	683
GSTM1	4	5' flanking - 656	ccgaaggactcagtaccga G/A ggcccctaacagaaaaa	684
GSTM1	5	5' flanking - 537	tagaggggagactaagccct G/C ggagtagctttcggatcaga	685
GSTM1	6	5' flanking - 525	taagccctgggagtagcttt C/G ggatcagagggaagctctgt	686
GSTM1	7	5' flanking - 465	aattaaattcccagggttggg G/A ccaccacttttttagctgac	687
GSTM1	8	5' flanking - 383	gcggagagagaaggctgaggga C/T accgaggcaggaggagaga	688
GSTM1	9	5' flanking - 382	gcggagagagaaggctgaggga A/T ccgaggcaggaggagaga	689
GSTM1	10	5' flanking - 378	gagaaggctgaggagaccg C/T gggcaggaggagaaaggag	690
GSTM1	11	5' flanking - 343	agggagagaagagctttgtcc G/A ttaggatctgctgtgtct	691
GSTM1	12	intron 2 + 118	tgctggagctgcaggctgtc T/C ctccctgagcccggtgag	692
GSTM1	13	intron 3 + 233	agttagtgccgctgtctctc T/C ctgctcttgccttatgggag	693
GSTM1	14	intron 4 + 26	tgtgggtggctgaatgtgt G/A gggggaagggtgcccctcc	694
GSTM1	15	intron 5 + 140	actatcagcagttatttcca C/T gactccaatgtcatgtcaac	695
GSTM1	16	intron 5 + 577	ctgccaccctatagaagga A/G ctttctactttccctgagct	696
GSTM1	17	intron 5 + 645	gctggtctggatccagagg C/T gccagggtcttggcgctcc	697
GSTM1	18	exon 7 + 519	caccgtatatttgagcccaa G/C tgcctggagcgccttcccaaa	698
GSTM1	19	exon 7 + 528	tttgagcccaagtgcttga C/T gccttcccaaatctgaagga	699
GSTM1	20	intron 7 + 2421	cagcaccgttagaattctt A/G taagtgttagctgttactgt	700
GSTM1	21	3' flanking + 42	atttgcctctggcatctac C/T cagactgtctgtctgtctgt	701
GSTM2	1	intron 1 + 7	ggaacatccgagggtgagc C/G agggctccgctggcggtggg	702

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
GSTM2	2	intron 1 + 45	gggacgggggtgcgtgggg C/T ggggaagtgtggagcagctg	703
GSTM2	3	intron 3 + 70	gactgcattctctctcccca G/C cttagagggtttaagatcag	704
GSTM2	4	intron 3 + 224	aggaggccctgggtccctct T/C tggccttgcatatgggaagg	705
GSTM2	5	intron 5 + 100	ttgattcctctctggtagtt C/A ttggcttctgctgactctaag	706
GSTM2	6	intron 5 + 341	tcctcttgggtgggtcatgg T/C ctggctggcttcaggagtg	707
GSTM2	7	intron 5 + 696	acotttagctagacacagag C/T gctgatttggcatttacaa	708
GSTM2	8	intron 5 + 723	ttgtgcatttacaaatccttt A/G gctaggcagaaaagtctcc	709
GSTM2	9	3' untranslated + 1006	ctcagccccgagctgtcccc G/A ttttgcattgaaggagcagca	710
GSTM2	10	3' flanking + 139	ttctgctgggcatagtaagg C/T gcttgagaattcttgcctcc	711
GSTM3	2	5' flanking - 144	ccaacgcccgcattagtcgc G/T cctgcgcacggccctgtgga	712
GSTM3	3	intron 7 + 165	agcctaacttctataccttg A/G aggcactgtctacaaaaaaa	713
GSTM3	4	intron 7 + 257	ctgttggactgggtgggtc T/G ttataagattgggtatattt	714
GSTM3	5	exon 8 + 91	cccagtggggcaacaagcct A/G tatgctgagcaggaggcaga	715
GSTM4	1	intron 4 + 67	ttggctggattgggtgcta T/C gctcagagtggatctgtgtt	716
GSTM4	2	intron 7 + 77	gatgctttccagctcctgga T/G ctgcataaagaataaacttgc	717
GSTM4	3	intron 7 + 80	gctttccagctcctggatct G/A cataaagaataaacttgcatt	718
GSTZ1	1	5' flanking - 546	agcagggcccaccagccac C/A gctcgaaggccgtgagcc	719
GSTZ1	2	5' flanking - 321	tgtctgaccagccgcgcgc T/C aaggagtcacaaaggagcag	720
GSTZ1	3	intron 1 + 2890	aaaatactgcatcaaaacca G/A gccacgctctgttgggggga	721
GSTZ1	4	intron 1 + 2896	ctgcataaaaaccagccac G/A ctctgttggggggacaccaa	722
GSTZ1	5	intron 2 + 255	tcctccaaactgctctcca A/G agccctctggcaaccatgtt	723
GSTZ1	6	intron 2 + 1560	caccactgtttaaggccctg G/C gggggcagagttaaacacaa	724
GSTZ1	7	exon 3 + 94	ccttgaaggcatcgactac G/A agacgggtgcccatcaatctc	725
GSTZ1	8	intron 4 + 297	agaaaggagggtttgctggc C/T ctgtccctctgttccaggg	726
GSTZ1	9	intron 6 + 94	tatctgaaccagcctccag G/A ctgctttgggctgacagtt	727
GSTPi	1	intron 1 + 269	ctccccgggctccagcaaa C/G ttttctttgttcgtgagtt	728
GSTPi	2	intron 2 + 134	ccccgggctccttctctgtt C/T cccgcctctcccgccatgcc	729
GSTPi	3	intron 5 + 438	gtgtgtgcgcgtgcgtgtgc G/A tgtgtgtgcgtgtgtgtgt	730
GSTPi	4	intron 6 + 162	cccgctggctgagtcctag C/T cccctgcccctgcagatctc	731
GSTT1	1	5' flanking - 103	taaaagagtgtcccaggctc C/T gtcccgcccaatggggcaca	732
MGST1L1	1	5' flanking - 105	tgtcggcgtccgtggggc G/A gggcgtggggcgttctggct	733
MGST1L1	2	intron 1 + 277	agtgtctgtgagagaagcag G/A ttctggagggtggagtgtgg	734
MGST1L1	3	intron 2 + 8030	gggtttatacagagccctc C/G gccccaccacacatatgca	735
MGST1L1	4	intron 2 + 8499	gtatggcaggagtggttcc C/T ggcaagccatagaggatgg	736
MGST1L1	5	3' untranslated + 468	cgccacctgtgaccagcagc T/G gatgctccttggccaccag	737
MGST2	1	5' flanking - 46	ggtcagcattcaaaagtcag A/T agcgccatttatcttccgt	738
MGST2	2	intron 1 + 176	ggcaccatgcccgtgct A/C cctcctctccaggggcaga	739
MGST2	3	intron 1 + 204	tcccaggggcagcagagac T/C gagaacattccagagattag	740
MGST2	4	intron 1 + 373	ttacaagtgttccaaaggaa A/T cgtgcctgcttctaaacctg	741
MGST2	5	intron 2 - 3245	cctcgtgatttggccacctc G/A gcttcccaaatgtctggat	742
MGST2	6	intron 2 - 1998	aggccgaggtggcgagatca T/C gaggtcaggagatcgagacc	743
MGST2	7	intron 2 - 1640	tgtttattccttgcatagcc A/G taatataaagtatgaatttt	744
MGST2	8	intron 3 + 41	actgtgttctaattgatgact A/G tgatgcttaaacgattaagg	745
MGST2	9	intron 3 + 453	atcagagtgtctatgttgcag A/G tatatgaactttggcttc	746
MGST3	1	5' flanking - 520	acaaaaaggcccttaacagcg A/C taaatccattcaactcggga	747
MGST3	2	5' flanking - 355	cgcttaaaacccgtacggtg G/A ctctgctggggacaaaattat	748
MGST3	3	5' flanking - 234	ctgggggagtagatatagt T/A ttggagaatgagaggagtaa	749
MGST3	4	intron 1 + 74	agccttttggcaggcactcc C/T atatttcagcctatgcgagc	750
MGST3	5	intron 1 + 682	agaaaatgcccttctttat G/C tgggtggcagcagcaggagcc	751
MGST3	6	intron 1 + 832	cgagtttacaagctacataa T/C agcgtcggggcgaagtaagt	752
MGST3	7	intron 1 + 1919	aataaaattcctgagtttct G/C tcaactcgctcttacagtacc	753
MGST3	8	intron 1 + 1991	tgtatttaggcaacaggaaa A/G ttgtactatctttcaaatgc	754
MGST3	9	intron 1 + 4458	ttttccatcctcttaacata T/C agtttagcttccactctccaa	755
MGST3	10	intron 1 + 4676	tgaatatgcaatgaattgt C/G gggggatagttacttttcat	756
MGST3	11	intron 3 + 278	cagcatgaccatcttaaac G/C atgttgactctccaggcct	757
MGST3	12	intron 4 + 423	cttgctttttgttgggg T/G gtgggtgggtcacagagaag	758
MGST3	13	intron 4 + 506	gtgcagagaagaaaacaaag T/C ggggaaggtggaaaggagat	759
MGST3	14	intron 4 - 162	tcacagatattttttttcc C/T gactgaaactaaacttaattc	760
MGST3	15	intron 4 - 130	acttaatttctacctaatttg C/G gtggggagtagttggccaaa	761
MGST3	16	intron 4 - 105	ggagtagttggccaaatcat C/G aaattgttaactttttgcta	762
MGST3	17	intron 4 - 65	aacatatgtgttaatacaacc C/T taggtgttaaaaaaggtttg	763
MGST3	18	intron 5 + 105	atcccagcactttgggaggg C/G aaggcaggcagattgcttga	764
MGST3	19	intron 5 + 197	aaaaatacaaaaattagcc G/A gatgtgggtggcaccactg	765
MGST3	20	intron 5 + 222	tgtgtgtgcacacctgtagt C/T ccagctacttgggaggctga	766
MGST3	21	intron 5 + 374	tcttatgctactatatttt T/C ttcttgggaatttgagaaaa	767
MGST3	22	3' untranslated + 517	atgacttacctttatttcca G/T ttacattttttttctaaata	768
MGST3	23	3' flanking + 166	agtctgattgtgggtgatga T/G gtatgctatgccacagtga	769
GSTA1	1	5' flanking - 266	ttgcaaaaaggacaaaatct C/A ggtgaaatgtattgtgtaaa	770
GSTA1	2	intron 2 + 1220	ggagacacaggctttcctaag A/C tatgacacaccataactag	771
GSTA1	3	intron 4 + 1813	aaaggcaccactggaggtg A/C attattttgccatcacctga	772
GSTA1	4	intron 5 + 732	gaagagtgttgcatagaagg T/C gtagtcactgcccaaggag	773
GSTA1	5	intron 6 + 333	ttatcccatatgtgcccaaa A/G tgagccggtctgagcagagc	774
GSTA1	6	3' flanking + 412	ctttcttatgcatttgcaaa A/C caatgattctgtctgtgtg	775
GSTA4	1	intron 1 + 280	gcattgttgggaaggtgggt C/T gtagcttccccgggctggc	776
GSTA4	2	intron 3 + 176	ggaaatcaacttctattcaa T/C agttccataaaagctggccc	777
GSTA4	3	intron 4 + 94	acaccacatttactttatgt C/G ttacatagtttagtgagatca	778
GSTA4	4	intron 5 + 1062	cacacttgtgcacatgcaga C/T acccatgggcatccaagagt	779
GSTA4	5	exon 6 + 487	cagatgtgattttactccaa A/G ccatttttagctctagaagag	780

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
GSTA4	6	intron 6 + 595	tgagctctgagagcaaatga G/A agatgttagcaccctaataca	781
GSTA4	7	intron 6 + 630	taaacatcaccocaaagat T/A cctaccattctccttctgag	782
GSTA4	8	intron 6 + 3943	tcttcgtagtatctaatacc T/C tttttgttagccttaaaagt	783
GSTA4	9	3' untranslated + 1099	taatacaaccgaatgtcta G/A taaatgactctcctctgagc	784
GSTA4	10	intron 5 + (370-371)	gttgctgaacagctgtctca (TA) gctgacatcctccctgataa	785
GSTA4	10	intron 5 + (370-371)	gttgctgaacagctgtctca gctgacatcctccctgataa	786
NDUFA1	1	5' flanking - 1437	aggggtaaaaatcctgatta T/A acctacccttgagcttttaa	787
NDUFA1	2	intron 2 + 3071	aataaaagtacatggcatat C/A ttgatgggaacagacttgt	788
NDUFA1	3	3' flanking + 1218	aactccatgtgtataaagca A/G caccacagatgacacttcca	789
NDUFA1	4	3' flanking + 1411	ggattgtgcatcctcttgat C/T/G ggcaatgaccttttactttt	790
NDUFA1	5	3' flanking + 1411	ggattgtgcatcctcttgat C/T/G ggcaatgaccttttactttt	791
NDUFA2	1	intron 2 + 1087	aacatacaaaaattagccgg A/G tatgttgccggggcacctgta	792
NDUFA2	2	intron 2 + 1089	catatacaaaaattagccggat A/G tgggtggccggcacctgta	793
NDUFA2	3	intron 2 + 1356	ttccctgaacaacacccattg T/C ggccatccagaatcagccaa	794
NDUFA2	4	3' flanking + 467	cacagccctcatgggtcagcc C/T actccagaggggtgcattccc	795
NDUFA2	5	3' flanking + 744	ggaagcagggggccctggcca C/T agccgctggcagtaagcagg	796
NDUFA2	6	3' flanking + (844-845)	tatagtctacaagaatgaa (ACAC) aaagatcataacaatagcta	797
NDUFA2	6	3' flanking + (844-845)	tatagtctacaagaatgaa aaagatcataacaatagcta	798
NDUFA3	1	intron 2 + 2656	tcctctgctgccctccctgc G/A cactttatcttcccttggc	799
NDUFA3	2	exon 4 + 241	agggcccccagcctggagtg C/G tgaagaaactgtgagcacct	800
NDUFA3	3	3' flanking + 1019	tccttaccctgactaggcacc A/G gctctggagcccccagctcc	801
NDUFA5	1	intron 3 + 2155	agactctagcatgtgtacctg G/C aacataaggttcccttagaaa	802
NDUFA5	2	intron 3 + 2493	ggcatattgtcagttttctc G/T gtctcaatttcatcatctat	803
NDUFA5	3	intron 3 + 2712	acaaaatttgaactgttcc C/T taacacaggctttttctgaa	804
NDUFA5	4	3' flanking + 1296	aggtatctaaaaggtattgc A/C atttggctcattgttctttc	805
NDUFA5	5	intron 3 + (30-31)	aagtcagttttgtgtcttg (GATTTGGTATCCAG) tgtaacattt aaccataaaaa	806
NDUFA5	5	intron 3 + (30-31)	aagtcagttttgtgtcttg tgtaacattt	807
NDUFA5	6	intron 3 + (427-428)	attaagtagcagtttaataaa AG/Δ tctagactgctgattcatac	808
NDUFA5	7	intron 3 + (4733-4734)	tataggaatttttaaaatata TA/Δ ggatattgaaacattcagtt	809
NDUFA6	1	5' flanking - 1148	tttataatttatatagttta C/T gtgctttctttttgtatagct	810
NDUFA6	2	5' flanking - 363	actaccaaggagcggcggc G/A cagccggatagcaggacgct	811
NDUFA6	3	exon 1 + 26	ggggagcggcgtccgccaa G/T tacttctaccgccagacct	812
NDUFA6	4	intron 1 + 1318	attcagcagtttgaaaacat A/G atgtttgctggcagaatac	813
NDUFA6	5	intron 2 + 562	agttaaagaatctgaaaagt G/C tcagaaatgatttaccctga	814
NDUFA6	6	5' flanking - (861-862)	ctgtaaaatggggatgctga (T) ggtacctacctgacctatga	815
NDUFA6	6	5' flanking - (861-862)	ctgtaaaatggggatgctga ggtacctacctgacctatga	816
NDUFA7	1	5' flanking - 731	accaaccaagggtctatcaa A/G ggggtgtccttttgacccc	817
NDUFA7	2	5' flanking - 434	aaagggaaccatcagaaccc C/T gtagtgaatgagaatcgcc	818
NDUFA7	3	5' flanking - 395	gctccgggattccggctggc A/G ggggttagggcagggtagag	819
NDUFA7	4	5' flanking - 100	agaggagtcacgtgtctcgg G/A gagagcctttataggacgtt	820
NDUFA7	5	intron 1 + 92	tcacctccctcttaagccgg G/A acccttcgctctcccccgaat	821
NDUFA7	6	intron 1 + 133	ctccctgggaaccccccagct A/C gtcaccccttcagcccgga	822
NDUFA7	7	intron 1 + 136	cctgggaaccccccagctagt C/G accccttcagcccggaacc	823
NDUFA7	8	intron 2 + 89	tccttttagaccctgaaacg G/C agggctgacatcctgccacc	824
NDUFA7	9	exon 3 + 196	gcgcgcgggaatctgtgccc C/G cttccatcatcatgtctcgtc	825
NDUFA7	10	intron 3 + 4203	gcctccacccctggggcgcc T/G cctccatcaacccacccctcc	826
NDUFA7	11	intron 3 + 4604	gggcctttgtgtacgtggag A/G ccaaaagtgggaaggaggga	827
NDUFA7	12	5' flanking - (1360-1353)	agggctccagggtccctcgt (CAGAGGCT) aacactggccgaagagaaag	828
NDUFA7	12	5' flanking - (1360-1353)	agggctccagggtccctcgt aacactggccgaagagaaag	829
NDUFA7	13	5' flanking - (1240-1239)	tgatagaccctgattccac CA/Δ ctctctgaaactttttgct	830
NDUFA7	14	intron 2 + (4142-4143)	catttttgtactgaggtgac AG/Δ gggcccaacagcggggccatg	831
NDUFA8	1	intron 1 - 75	tttgtgtctctattctgac C/T cgcagtgaggtaaagctgaga	832
NDUFA8	2	intron 2 + 790	caaacctagacaaagtgtgc C/T ctttatccagaagtggcag	833
NDUFA8	3	intron 2 + 900	ttcaggagataaaaagctct G/A attgtctaggcctgagatgg	834
NDUFA8	4	intron 2 + 3837	gaagttgtctgttaagttag A/G taagaatgtactcacata	835
NDUFA8	5	intron 2 + 3942	tcattgttttgcaaaagat G/T cccctaaccagctttcttt	836
NDUFA8	6	intron 3 - 66	gaggagacaccaggaggcgc A/G ttgatggttacagattcctc	837
NDUFA8	7	3' untranslated + 520	tttattttctggaccaagtaa A/G gatgggtccgtggccacac	838
NDUFA8	8	3' flanking + 367	gtcatacaaggggagcctcc A/G gtagagaagtgcagaaactt	839
NDUFA8	9	3' flanking + 777	attcttttttactactagg C/T tgtttcctccacatctgact	840
NDUFA8	10	3' flanking + 1053	aaagaaaaagcactgtgtga T/A ctgccatggccgtttctgca	841
NDUFA8	11	3' flanking + 1190	gattctctaataaataaa G/T acttttttttgcattttttt	842
NDUFA8	12	intron 2 + (449-453)	ggtcattgtgcatgatacttaa (GTAAA) aaaaaactaagctgtgta	843
NDUFA8	12	intron 2 + (449-453)	ggtcattgtgcatgatacttaa aaaaaactaagctgtgta	844
NDUFA8	13	intron 2 + (707-708)	ctcatttttggaaagactctc (A) acccttgctgtacccaaaatg	845
NDUFA8	13	intron 2 + (707-708)	ctcatttttggaaagactctc acccttgctgtacccaaaatg	846
NDUFA8	1	intron 1 + 8451	cagcaccctgttagagccctc G/A ggatgctgaagatgccatga	847
NDUFA8	2	intron 1 + 8495	gacacaggcattctgcagac G/A ctagacaatttttagtgagc	848
NDUFA9	1	5' flanking - 807	gatggctctttgtagaacaa T/G gcagattctcaaagggtgacc	849
NDUFA9	2	5' flanking - 769	accacagtttaagaaaaaat T/C acaagccattgcgctagaga	850
NDUFA9	3	5' flanking - 353	cacaccctattttgtttct C/G ttctccacttttccctcgt	851
NDUFA9	4	5' flanking - 322	ttccctcgtttctgtcccc C/T cttttctctctcctggccc	852
NDUFA9	5	intron 1 + 447	attcatatgagcacaatgga A/G atgataatattacaatacca	853
NDUFA9	6	intron 1 + 1039	ggcttgatgttcagccctgag G/A caagaattaggagtgttag	854
NDUFA9	7	intron 1 + 4010	aatgtatccaaaagagattc T/G cattcctgccatgaagaa	855
NDUFA9	8	intron 3 + 49	gacaaatataaattactaag G/A tcatttttaggagtgatagg	856

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
NDUFA9	9	intron 3 + 107	aatttcttccagaatggac C/T aaaggcatcctctgttccca	857
NDUFA9	10	intron 3 + 1183	atctctggtaatatcctac A/G gattatttgaatcccttta	858
NDUFA9	11	intron 3 + 1395	attcctagttctttgtccct C/T aagtttggtgacaccttgt	859
NDUFA9	12	intron 3 + 2363	agaaaaatagtcgatgaatggc C/T ccaactaacactagtcttta	860
NDUFA9	13	intron 3 + 2608	gtcatttgattacctgagta A/C agtgtactgttacctgtttg	861
NDUFA9	14	intron 4 + 561	attttataaattctttgatg A/C ctgggggtctttattcaact	862
NDUFA9	15	intron 4 + 860	attgtgtagagtaatgcag C/T agagctgtcaacttttttaa	863
NDUFA9	16	intron 4 + 879	gcagagctgtcaactttttt A/T aaaaaataattttagcttaa	864
NDUFA9	17	intron 4 + 893	ttttttaaaaataattttt A/G gcttaaaaaattaaaaatt	865
NDUFA9	18	intron 4 + 1090	atcattgtctgttttaaaagt T/C aagtagtgtaatttcagta	866
NDUFA9	19	intron 4 + 1188	aaccaatccttttatttttt A/T tcttcagaaacttttgatt	867
NDUFA9	20	intron 5 + 161	gggtgtgtgtgatgtttga C/T gttttgattgattgccttct	868
NDUFA9	21	intron 5 + 373	ctttctcaccctctgacatg C/T agtggttttgtgccactctt	869
NDUFA9	22	intron 5 + 457	gccaggggaagatgcctattc A/C cacagtgttattgtccttt	870
NDUFA9	23	intron 5 + 3113	gatttttctcctttctcaat G/A taagcttcccttaaaataaa	871
NDUFA9	24	intron 5 + 3339	tctaaactcaaaacaggttt G/A ttgtgttattgttttagcgtg	872
NDUFA9	25	intron 6 + 414	tatagttttgccttttccag G/C atattacataatgttttaga	873
NDUFA9	26	intron 6 + 518	ctttcatttcttttcatagc T/C tgatagctcatttctttata	874
NDUFA9	27	intron 7 + 974	ggattatgcgtacttggaaa A/G tacttggtatagcgttgatt	875
NDUFA9	28	intron 8 + 368	acattaattttgatggagta T/G cacaatgcctccagaggctg	876
NDUFA9	29	intron 8 + 954	gcatacaatcagttatata T/C ctagataagaattacaattc	877
NDUFA9	30	intron 8 + 1253	tcctcttgaattgttagata G/T gtatctacacatttctcatc	878
NDUFA9	31	intron 8 + 11608	gaaaagatagatgtataat G/A accaaaaattcgtgaagaaa	879
NDUFA9	32	intron 8 + 11930	ctacaaatatattctaaatg C/T gtaatcatggataagtaaaa	880
NDUFA9	33	intron 9 + 1998	tgtttttcaagccttttaac G/A gctgtgggaacctgtgtcta	881
NDUFA9	34	intron 9 + 2238	ccagctacttggaggcgtga A/G gtggaggatcacttgagcc	882
NDUFA9	35	intron 9 + 2885	acagcggctctgtcttctgc A/G gttctcataggctagcttac	883
NDUFA9	36	intron 10 + 801	tacactaaagtgtctcttac G/A ttatacttgagaagtgtt	884
NDUFA9	37	intron 10 + 910	tgcagacttccagggtggta G/C gatgaggattgtctgct	885
NDUFA9	38	intron 10 + 1180	aaaactgagtcagaacgccc G/A tgctcagaaaacagggcgt	886
NDUFA9	39	3' flanking + 554	gtgccagcacttaggaatta T/G gaccttctaataagatttctt	887
NDUFA9	40	5' flanking - (1129-1128)	taaacagtaggggcaagata (TC) gattggaaacagccaagatt	888
NDUFA9	40	5' flanking - (1129-1128)	taaacagtaggggcaagata gattggaaacagccaagatt	889
NDUFA9	41	5' flanking - 341	tggtttctcttctcacttt T/Δ cccctcgttcttctccccc	890
NDUFS1	1	5' flanking - 3	tctaggggtgtctgtctgtt G/C cagacagtttagcagaacag	891
NDUFS1	2	intron 1 + 445	gtgttagcaatggctcacgc T/C tctgtttgttgccttgttt	892
NDUFS1	3	intron 1 + 470	tttgtttgccttgtttgttt G/T gtccattgaccacgttgagc	893
NDUFS1	4	intron 1 + 502	acgtttggacagcattttttt A/G ttccctttaaactaacggaaa	894
NDUFS1	5	intron 1 + 557	ttttgaaaagttagccagg A/G ttgcattgcaataacaaaa	895
NDUFS1	6	intron 1 + 5218	tatctcagaatatctcagga A/G catttagtagacagctatgc	896
NDUFS1	7	intron 3 + 1371	aagccctaaaaatagatagt T/G caatgggaatgaaacaaga	897
NDUFS1	8	intron 5 + 414	ttttgaaacgaggtctcact A/G tttgtccaggctgggtgtg	898
NDUFS1	9	intron 10 + 812	gagtgcggtggcgcatctc G/A atctcgggtcactgcagcct	899
NDUFS1	10	intron 11 + 233	ggaggccaagcgaggcagat C/T gcctaagtgaggagtttga	900
NDUFS1	11	intron 11 + 283	ggccaacatggcgaaacccc G/A tctctactaaaaatacaaaa	901
NDUFS1	12	intron 11 + 585	ctgtatgtcttaatttttaa G/T taaatttgcattttatata	902
NDUFS1	13	exon 12 + 1251	gcaccactgtttatgtctag A/G attcgaagagggttgtaaat	903
NDUFS1	14	intron 13 + 5159	attacttttagaaaaactgt T/C tttagctgatactcaggcata	904
NDUFS1	15	intron 14 + 250	aaaaattgttatattagtt C/T accittggttcaaaaattgca	905
NDUFS1	16	intron 14 + 550	gataaagtctcactatgttg C/T ccaggttgatctcaaaactcc	906
NDUFS1	17	intron 14 + 2429	ctgaaaaatacaaaaattagc C/T ggggtgtgtggcatgtgcct	907
NDUFS1	18	intron 14 + 2530	ttacagtggcggagatcac G/T ccactgcgctccagcctggg	908
NDUFS1	19	intron 14 + 2659	acacatttaatttttacct T/C gaaaatactgcagttatggt	909
NDUFS1	20	intron 16 + 150	agaaaacatgtattcagaaa C/T aggaattcaagggttacagt	910
NDUFS1	21	intron 18 + 279	cactgtgtagcaatttttg T/C gaattttccaagtggaaaa	911
NDUFS1	22	3' flanking + 182	tctaggataattataattaa T/A aataatcatagtaacaatgg	912
NDUFS1	23	intron 11 + 3226	aaatgtattgtctgtgttt T/Δ aacattttgtaatatgaaat	913
NDUFS3	1	5' flanking - 194	tctgccacaaggagctagga C/T cagctcacctcacgatttc	914
NDUFS3	2	intron 1 + 46	cggggtcaggcgagcggcg T/C gccagtgacagagactcct	915
NDUFS3	3	intron 6 - 439	aaagctgtgtcaaatgtact G/A ctttagatctggactgtgaa	916
NDUFS3	4	intron 6 - 280	ggtgggtgagcagtcagttc G/A gagctcctgatgtggagtg	917
NDUFS4	1	5' flanking - 439	aactgaatacacgacctgtcc T/A gaggcgttcaaaagtgaatc	918
NDUFS4	2	intron 1 + 1829	gaaaaaaaatcttaatgcca G/T ggaagacgttttttaaatat	919
NDUFS4	3	intron 1 + 2057	attaatgggaaaaatctacat C/G taaaattcatttttattgtaa	920
NDUFS4	4	intron 1 - 521	ttcatttttaactaattttat T/G tctccattttgtgaatggg	921
NDUFS4	5	intron 3 - 1259	ataaaattatgatattatta G/A tactaatatagccagccata	922
NDUFS4	6	intron 3 - 1174	aatatataataattataggaa T/C ctacagtagtagcaaccatgg	923
NDUFS4	7	intron 4 + 10682	cacaatataggcacaacctt A/C ctaccaaaagcactaacaagt	924
NDUFS4	8	intron 4 + 12299	tttactatatagatataatg A/T atagactatagatattctt	925
NDUFS4	9	intron 4 + 12560	accaaaataaggtattatgca G/A gctcatctttttatataaga	926
NDUFS4	10	intron 4 + 18801	ggaaagacttgccttggcag T/C gtatccgaaacctctgttat	927
NDUFS4	11	intron 4 + 19888	tccacagctgagaagagca A/G ggggctgttttcagttacc	928
NDUFS4	12	intron 4 + 20178	agaaaagatgagtataattc G/A tctaacttaccattctttaa	929
NDUFS4	13	intron 4 + 23016	ctactctgtgaaagttaagg T/A atgttgaacaagttaattaa	930
NDUFS4	14	intron 4 + 23124	actttctttggagatggagt T/A ccagcagttgggaatgtaat	931
NDUFS4	15	intron 1 + 766	tgtagatatttttttttt T/Δ ggtgtatttaaccttccatt	932
NDUFS4	16	intron 1 + 1261	tttctttcttttttttttt T/Δ gagatacatttctcactctga	933
NDUFS5	1	intron 1 + 388	ccaaacatagccagcacttc C/T ggctgttaactccgggctgtt	934

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
NDUFS5	2	intron 1 - 13082	agtggagccgagattgcacca G/A tgcattccagcctgggcaac	935
NDUFS5	3	intron 1 - 12905	gttttcaacaaaggactcca G/T agtagtagagaagtttctgt	936
NDUFS5	4	intron 1 - 12564	attttcatcacacctcaact T/G aaggataacagccttaaga	937
NDUFS5	5	intron 1 - 12561	ttcatcacacctcaacttaa G/A gtataacagccttaagaatg	938
NDUFS5	6	intron 1 - 10561	aacaatgttgatagtgggg C/G ggggtggtagcagggtgtcat	939
NDUFS5	7	intron 1 - 9065	cctgatgctcctggctccag G/A gttagaccttttccctttaga	940
NDUFS5	8	intron 1 - 8871	tcaccacgtgtctgttagata T/C aggaccgcagaccttgcgtt	941
NDUFS5	9	intron 1 - 7312	aaatccttggcttctagaat G/T ggtcactgatggtatataat	942
NDUFS5	10	intron 1 - 6827	aacctctgcctcccgcattc A/G cgccatttctcctgcctcagc	943
NDUFS5	11	intron 1 - 6725	agtagagacggggtttcacc G/A ttttagccagcatggtctcg	944
NDUFS5	12	intron 1 - 6631	aggcgtgagccactgcggcc G/A gcctagaccttcttcttata	945
NDUFS5	13	intron 1 - 6531	cccaacagctcccaatgtaa A/G acagatctattataattctg	946
NDUFS5	14	intron 1 - 6346	gcaacagatcttgacctata T/C cccatagggtacagctgagg	947
NDUFS5	15	intron 1 - 6327	atcccatagggtacagctga G/C gactttaatcagaaaaggag	948
NDUFS5	16	intron 1 - 6122	tagccttgccttttactctac T/C gttcctcccaaatcacacc	949
NDUFS5	17	intron 1 - 2512	acaaactcttaatggaatt T/C tgcagatcaaatgtgggctta	950
NDUFS5	18	intron 1 - 1945	tttaatctcctttaaatc G/A caatttcacaaacctagggtta	951
NDUFS5	19	intron 2 + 75	tttttttttttttttttttt G/A aagtctcactcttggctccct	952
NDUFS5	20	intron 2 + 148	ctgtagcctctgcctccag G/A ttcaggcgattcgcgtacct	953
NDUFS5	21	3' flanking + 150	cagattcaagtgttctct G/C cctcagcctcccaagtagct	954
NDUFS5	22	intron 1 - (10682-10681)	attataaacactaaacaaac AT/Δ gtgtgtctcttttagagggg	955
NDUFS5	23	intron 1 - 10272	aggaaacagtgactaccctg A/Δ aaaaagaagagatgaacaa	956
NDUFS5	24	intron 1 - 2069	accagacagagttcctttta C/Δ tgttttctgtggcaaga	957
NDUFS6	1	intron 1 + 26	ggccgctgggtacaggaatgc A/C ccttctccagccgcacctc	958
NDUFS6	2	intron 2 + 1076	ggatcatgtgtgtggaggagg G/A gcttgtgtctgtgtgtgtt	959
NDUFS6	3	intron 2 + 1260	cagttgtcagtaaatgtgtg T/C atagggttaagtgtctttct	960
NDUFS6	4	intron 2 + 1413	caaaaggagctcatggcattg C/T gaatgggacatttcttccgt	961
NDUFS6	5	intron 2 + 1568	tggagaaggggaggtttctc T/C tagtgtggatcggtgtgtgt	962
NDUFS6	6	intron 2 + 1692	gaccgtgtgtacggagggttt C/T ctggcctcagatgggtgtgt	963
NDUFS6	7	intron 2 + 6488	tagcttaataattattttggc A/G ttcattgttcagaatgcctga	964
NDUFS6	8	intron 2 + 6563	tttaaaacttttttttaaat G/A tccatgaatgggttcggtat	965
NDUFS6	9	intron 2 + 6740	aaagattttaaacctacatat C/T tttatgcccacatcatttgat	966
NDUFS6	10	intron 2 + 6832	gcgagggaactcattttacag A/T ggttggacacttcaactgtgt	967
NDUFS6	11	intron 2 + 7054	ttcactgcgggagcttggcc G/A tgtgaacccggagccggct	968
NDUFS6	12	intron 2 + 7186	ggtcagggtcacccttgagc T/C gcgcacactaaatgacggga	969
NDUFS6	13	intron 2 + 7225	gagggaatcccgctgagtc G/A ccagtgtcaggcgctcagca	970
NDUFS6	14	intron 2 + 7810	cttccactctggggcgggga C/T gctgtagaaggagcacaag	971
NDUFS6	15	intron 2 + 11080	gtaactgttcagtgtttct C/T ctttggatttcatgtaaatc	972
NDUFS6	16	intron 2 + 11657	gggacagaacgatgtgtgtg G/A gagaagaggcgatggcagag	973
NDUFS6	17	intron 3 + 208	cgaaaaacccctttcaactg T/C gaagtgtgtggcgccatgtt	974
NDUFS6	18	intron 3 + 1031	ctagagtgtggactgggcacc C/T ggcatgtccctcctgggct	975
NDUFS6	19	3' flanking + 270	gcttcagagagccaaggttg G/C tctttaggtgcatagttgaag	976
NDUFS8	1	5' untranslated - 45	agtgtagcctccgcctccgc A/C ttgactggcctgttggcaa	977
NDUFS8	2	intron 1 + 163	aggtgcagcggggagccggc T/C ctcaggcgccatgcggcc	978
NDUFS8	3	intron 3 + 123	tctctgagcctgtttccact T/C ttaaaatgattatggtgat	979
NDUFS8	4	intron 6 - 505	aggcaaggcagccggggcac G/A gtggctcagcgttgaatcc	980
NDUFS8	5	3' flanking + 491	ggccctgagctggcctgcgt C/A cagccacatccttcttctg	981
NDUFS8	6	3' flanking + 693	ttcaacttcaatttcagtgat G/A aaaccagctccgagaggtga	982
NDUFS8	7	3' flanking + 1267	ttttccagacgttaaccggc G/A tcagagcgtggcatggagcc	983
NDUFS8	8	3' flanking + 1362	cgctgggttcttttcccttac C/T gtggcttccagggcacitac	984
NDUFS8	9	3' flanking + 1449	tgtcagaacaggcctatggc G/A cccaaccacaagtccccaa	985
NDUFS8	10	3' flanking + 1572	cagcccccacaggcctgtgt C/A gctgtgtgggcttagggat	986
NDUFS8	11	3' flanking + (783-784)	cagagaccttgaccocccccc (C) atctaccatcatttccaaaa	987
NDUFS8	11	3' flanking + (783-784)	cagagaccttgaccocccccc atctaccatcatttccaaaa	988
NDUFB3	1	5' flanking - 1439	ttaaaagttagctttttttt G/A cggggcacgggtggctcacgc	989
NDUFB3	2	5' flanking - 1436	aaagttagcttttttctgcc G/A ggcacgggtggctcacgcctg	990
NDUFB5	1	5' flanking - 213	ggcggatgaaactctccatc A/C aagaaggcccaaacggccgc	991
NDUFB5	2	intron 1 + 6288	ggggatgttgattacctagg T/C cagtaaaagtaaaagaagcat	992
NDUFB5	3	intron 1 - 1581	cttctgggacctgtatcct A/G tttctttcccttgttaccct	993
NDUFB5	4	intron 1 - 1487	ccctcttagaccgtatatag T/G tctagcataggatctgcaca	994
NDUFB5	5	intron 2 + 556	ttgtctggaccatctgccac G/A gtatataaagctctgaatca	995
NDUFB5	6	intron 3 + 467	ggcgccatcgcaactccagcc C/T gggcaacagagtgagactct	996
NDUFB5	7	intron 3 + 497	agttagactctgtccccccc C/G caaaaaaaactataatcct	997
NDUFB5	8	exon 5 + 397	atgatagtctctgaaaagata T/C atgaagaacaatggccgtc	998
NDUFB5	9	intron 1 + (231-215)	attagcatttctaaaacgtt GT/Δ attcaccatcccaattaatg	999
NDUFB7	1	intron 1 + 68	cctgaacacctggcaccoca G/A ggttggcaccgccggctgg	1000
NDUFB7	2	intron 2 + 266	ggcctctctaggggcctgtt T/C gatgggacaggggcagggtg	1001
ABCA1	1	5' flanking - 278	gggcccggggcggggaagg G/C acgcagaccgggaccctaa	1002
ABCA1	2	5' flanking - 99	acataaacagaggccgggaa G/C gggcgggggaggaggagag	1003
ABCA1	3	intron 1 + 159	gggtgttaaatggggagac G/T atgtctagtacagactctg	1004
ABCA1	4	intron 1 + 506	gaattggctatatgtctccc G/C ggaactggagcggcacagtcc	1005
ABCA1	5	intron 1 + 5897	gtacaaaacccctttagcttt T/G gcaaacctcctttaaagacc	1006
ABCA1	6	intron 1 + 5929	ttaaagcccgattttaaagc C/T tccctcctcatgaagctctt	1007
ABCA1	7	intron 1 + 5962	aagctctcttgatccactc T/C ttcccatcactaagttagaa	1008
ABCA1	8	intron 1 + 5985	cccatcactaagttagaagt A/C agatcccccttcttcttact	1009
ABCA1	9	intron 1 + 11416	ttacagtgccttttatagaa G/A agaaagaagaattgtgtct	1010
ABCA1	10	intron 1 + 11935	tctctgtggagcaaatagag G/A gctgtctgacacttggttcc	1011
ABCA1	11	intron 1 + 12281	gaatgtttgatttgtgaaaa T/A cttaataacagtagttttt	1012

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
ABCA1	12	intron 1 + 12924	gtgctgacaatcttatactc T/C aggttgaacctccggggaag	1013
ABCA1	13	intron 1 + 13002	gagcctcaatcacagattct C/G tctagctcacatgaagttaa	1014
ABCA1	14	intron 1 + 17715	ggagcatgactttgtggaag C/T ctctcctcttccaccagag	1015
ABCA1	15	intron 1 + 17848	gagggctgactgtcacccctt T/C gataggagcccagcactaaa	1016
ABCA1	16	intron 1 + 21384	gtgggtgggaggaattggag G/C aggaagcttgccctaagtgtg	1017
ABCA1	17	intron 1 + 22145	gtagcttctaaatcaacgaa C/G tgattcctggagagcagctt	1018
ABCA1	18	intron 1 + 23063	ggaggcacctgtgacaccca G/A cggagtagggggcggtgtg	1019
ABCA1	19	intron 1 + 23131	agtgtgcatatgtgtgacc G/A tgggagcttgtttgtcggtt	1020
ABCA1	20	intron 2 + 156	ggacacaggactgtgtgttc T/C ggataatggcatgtgcttat	1021
ABCA1	21	intron 2 + 384	gctgtgggtgaagtgtgta A/G tggcccccactcttagagatc	1022
ABCA1	22	intron 2 + 1081	agtgcagccaaaattgcaaa G/A tcataccattcaaatataa	1023
ABCA1	23	intron 2 + 2801	aagaaaaagtgtttatttca A/G gttgtgatgcttagattgt	1024
ABCA1	24	intron 2 + 2830	tgcttagattgttagagttg C/G aaagatctggcttgcattct	1025
ABCA1	25	intron 2 + 2856	tcgtgcttgcattctgtaca A/G ctgacagaaactgggctcag	1026
ABCA1	26	intron 2 + 3187	tgatagctgttgcctgcagc A/G tacggacgttcattgcgcag	1027
ABCA1	27	intron 2 + 3190	tagctgttgcctgcagcata C/T ggacgttcattgcgcagttc	1028
ABCA1	28	intron 2 + 3194	tgttgcctgcagcatcctgac C/T gttcattggcagttcctgt	1029
ABCA1	29	intron 2 + 3204	agcatacggagcttccattgc G/A cagttcctgtctcctgagat	1030
ABCA1	30	intron 2 + 3401	acataaagcctgtgtgtgtc T/C gccaggaagactagaaacgc	1031
ABCA1	31	intron 2 + 13927	gtcaccacatacctggcact A/G tgctaaggctgggaatgcag	1032
ABCA1	32	intron 3 + 4163	ccagcccacttcatcttacc G/A tagttacctccttagagtat	1033
ABCA1	33	intron 3 + 4262	tgtcaaaagggaactaaagga T/C gccaggggactttctgcttag	1034
ABCA1	34	intron 3 + 4306	ccctctcatcacttctccaa C/T gctgttatcatgaaccccat	1035
ABCA1	35	intron 5 + 240	gacagaagaaaagtccccag G/A gaagaatactacagacttgg	1036
ABCA1	36	intron 5 + 490	gatgggcatittgaacttgtt G/A tctttaaaaagtgaactctt	1037
ABCA1	37	intron 5 + 583	tatctggggaggtggacattt G/G ctgactgaggcattggctgc	1038
ABCA1	38	intron 5 + 1051	ggctacaaaactgtgctttc C/T ttgggcagtaaaagaggcaa	1039
ABCA1	39	intron 5 + 3051	tagaagaacaagtctaatctt G/A ttttcttgaatagtgcgaa	1040
ABCA1	40	intron 5 + 3127	aagtccatgatttttttaggc A/G aaatggcctcctttcctctt	1041
ABCA1	41	intron 5 + 5924	ctttctttcacaaaattgcc C/T cccagagctttctggaaggg	1042
ABCA1	42	intron 5 + 6831	ccagtcctcagccttggca T/C tgcttatgctgtgtcggaaa	1043
ABCA1	43	intron 5 + 12678	gctcaccgctctgtctcacc G/C accctctggccatctcctct	1044
ABCA1	44	intron 5 + 14214	cagcttgggtccagaggcct G/A gacctgggtccagaggctcc	1045
ABCA1	45	intron 5 + 14257	gctgttcccccggcttggtc C/T cagaggcctggatgtgtggc	1046
ABCA1	46	intron 5 + 18078	cctaccacacacatgcacgtt G/T acagccaagggttgttgact	1047
ABCA1	47	intron 5 + 18795	ctgggctcttctggacctg G/A ccagctaaaggaaatctcc	1048
ABCA1	48	intron 5 + 18948	gcatttgggtactaaagac G/A catattccctatcctatagg	1049
ABCA1	49	intron 5 + 19053	ctcccccaacattaaaagt G/T aagggatgcttattcaaatg	1050
ABCA1	50	intron 5 + 19148	ggcccaagaaactgcatttt C/A gcatgctccctaaatgaagc	1051
ABCA1	51	intron 5 + 19229	atgctaacagtgtagagta C/T atgtgatgggaagcatcagg	1052
ABCA1	52	intron 5 + 19405	cttgcctcaattattctgtc T/C atataactcaatattactga	1053
ABCA1	53	intron 5 + 19534	catgtgacctctttagctcc G/A cggattaaactcctgtcctca	1054
ABCA1	54	exon 6 + 474	gaacacctctctgtgttctt G/A tatcacacacctctctctccc	1055
ABCA1	55	intron 6 + 210	gcaacctggcgtctggggcc A/C gctgtttaaataaaattga	1056
ABCA1	56	intron 6 + 334	acagttctgaggcaataacc G/A tggttaaagggttattgatct	1057
ABCA1	57	intron 6 + 2288	cttctttcaaagcttgtgtt C/T cactggaccacgtatgaagt	1058
ABCA1	58	intron 6 + 2322	atgaagtagaatagttttag T/C ccagaaaggcaattaagtaa	1059
ABCA1	59	intron 6 + 2820	gtgctttgatacattctgag T/G ttcagtaagagacctgatg	1060
ABCA1	60	exon 7 + 656	tgagctttgtggcctaccaa G/A ggagaaactggctgcagcag	1061
ABCA1	61	intron 7 + 416	catcataaagatgacattgt G/A ggctgtcacagttggaaggc	1062
ABCA1	62	intron 7 + 471	agaccacactatttagctta C/T ttagtaataacattgcaaaag	1063
ABCA1	63	intron 7 + 504	ttgcaaaagaaaatttccgac G/A aagtttttcagcctaggaa	1064
ABCA1	64	intron 7 + 679	gcctgtgtgaaattcctctc G/C ctacccccaaacatcatcatt	1065
ABCA1	65	intron 7 + 1740	acaaatgtcaccccttttag C/T tggaaatgattgaaattttgg	1066
ABCA1	66	intron 7 + 2122	tgattaaaggtggctactacc A/G ggtgctttctgcatactcg	1067
ABCA1	67	intron 7 + 7753	taggaattccaagctgtgaa T/C tttttactgaagctctttgg	1068
ABCA1	68	intron 7 + 8973	atggaaatttgtttatattg A/T ctacagattgccaattattat	1069
ABCA1	69	intron 7 + 8976	gaaatttgtttatattgact A/G cagatttgccaatattattag	1070
ABCA1	70	intron 7 + 11327	ctaacaattcttatttccatt G/C agtctttataaaagaaagtg	1071
ABCA1	71	intron 7 + 11738	ctgacgtttaaaggagaccg C/T gtaggtccctttgaggactg	1072
ABCA1	72	intron 7 + 12295	agtcgtgaaattattgttct T/A tttttcttttagcttatgct	1073
ABCA1	73	intron 8 + 387	tagcaaggccaatcatttta C/G caacacacatgcttctaac	1074
ABCA1	74	intron 8 + 697	ggaactgtctgtgttcccc A/T gcataggaagctgagccagg	1075
ABCA1	75	intron 8 + 1312	attgtctctgcagatccctc G/A cagccctctgtcccttgttc	1076
ABCA1	76	intron 8 + 3036	ctttatgtgggaagaaattt T/G tttttttgattggggagtg	1077
ABCA1	77	intron 8 + 3176	aaatggcctgttctctgtc C/A cctttctgtctgtatgcctc	1078
ABCA1	78	intron 8 + 3364	ggcagaaggcaagcttagg A/T cctagagagtgctggaccac	1079
ABCA1	79	intron 8 + 3373	caaagcttaggaacctagaga G/A tgcctggaccacgcaactcac	1080
ABCA1	80	intron 8 + 3561	cagggaatttattatgattt C/A ttgtgaaatgtttggaata	1081
ABCA1	81	intron 8 + 3654	agtgccggaatacatttgca T/C gtaagacagaacgctgcctg	1082
ABCA1	82	intron 8 + 4715	ggcagagggtctcagaatc C/T gcatttccaacaatgtctcc	1083
ABCA1	83	exon 9 + 936	cgatattgtctcgggcatcc C/T gaggagggggggctgaagat	1084
ABCA1	84	intron 9 + 2309	cccccaagagtcagtttaa A/G tgttggctatgttagttgtc	1085
ABCA1	85	intron 9 + 2392	atgggagggtgtgtcttca T/C gaaaacatttttccagatca	1086
ABCA1	86	intron 10 + 228	tggggatggggaggactggc A/G cagggtgctgtgatgggtt	1087
ABCA1	87	intron 10 + 319	ttctcggtccctggctccc C/T acctgaactccagggtgaacaa	1088
ABCA1	88	intron 11 + 377	gaaagaagtgtgggagcaaa A/C gcatgatgttacatgtagac	1089
ABCA1	89	intron 11 + 521	agtgtcttagagacaatttg G/A ttcaaatgtggagcaggctg	1090

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
ABCA1	90	intron 11 + 2850	ctctatacaatcattatgct G/C ccattgaaataataataaca	1091
ABCA1	91	intron 11 + 2976	ctccaattcggtagaaccag A/G gcttcatcttctgtcgaa	1092
ABCA1	92	intron 11 + 3056	gtttgcagctgctgtttttc C/T ggcagcacatctgtgcaggc	1093
ABCA1	93	intron 12 + 340	ggcattatttggtaaaactta T/C ctaaaatcgaattcgggtcc	1094
ABCA1	94	intron 12 + 381	aatataatttttgaatttt A/G tattaaaaattatattagta	1095
ABCA1	95	intron 14 + 1728	caggctcagaggccctggcc C/T atcacccctggctcacgtgtg	1096
ABCA1	96	exon 15 + 2040	atgggcctggacaacagcat C/A ctctggttttagctggttcat	1097
ABCA1	97	intron 15 + 1382	cttttagacagaaaaagttac G/A tgggatattatctccacag	1098
ABCA1	98	intron 15 + 1453	tatataaggagaacacagtt G/A aaattacctattgaagaac	1099
ABCA1	99	intron 15 + 1567	ttctgcgtagttttgggttaa G/A tcacttatcttctttaggat	1100
ABCA1	100	intron 15 + 1617	cagttgcctcatcagaaaaga T/A gaacagcattacgcctctgc	1101
ABCA1	101	intron 16 + 95	agttgagaacagaagatgat T/A gtcttttccaatgggacatg	1102
ABCA1	102	intron 16 + 452	tgggtttttgcttgagtaat G/A ttttctgaaactaagcacac	1103
ABCA1	103	intron 16 + 657	ctgttgccctcagctcgtggct T/C cataggcatcagcagcccca	1104
ABCA1	104	exon 17 + 2473	gcttcaatctcaccacttgc G/A tctccatgatgctgtttgac	1105
ABCA1	105	exon 18 + 2649	ggttccaaccagaagagaaat A/G tcagaaaagttaagtgtgttg	1106
ABCA1	106	intron 18 + 1730	tgaagttcaagcgcagtg G/C ctgtgtccttacactccact	1107
ABCA1	107	intron 19 + 426	aggaccttacagtgggttagt A/G tcaggagggttcaggggtcg	1108
ABCA1	108	intron 19 + 468	aaagcaccagcgttaggcctc A/G gtggcttcaggcacgattcc	1109
ABCA1	109	intron 20 + 876	ccctcctcatctaaagtga C/T acatggggctcatgtcagg	1110
ABCA1	110	intron 22 + 118	catgggatactcttctgtta T/G cacagaagagataaaaggca	1111
ABCA1	111	intron 22 + 560	aaagcttttgccattctaggg G/A tcatagccatacagggtaga	1112
ABCA1	112	intron 23 + 102	acccttttgccattgttaga A/G ccacctatctccctgctctgt	1113
ABCA1	113	intron 23 + 287	gtcaaaagaaaagagacttgt C/T aagaggtaagagccttggct	1114
ABCA1	114	intron 23 + 1063	acccttcacccctcaggaagc G/A aggcgtgttcacacggcacac	1115
ABCA1	115	intron 25 + 321	ctctttacttaagtacagtg T/G gaggaacagcggcatcagga	1116
ABCA1	116	intron 25 + 376	gttagaaattcagcaacttg G/C gccagctcagacctactga	1117
ABCA1	117	intron 25 + 478	catacataggaatgacaaa C/T gtttatggatggatagtcta	1118
ABCA1	118	intron 25 + 579	tcatttaatttctcaaaaaa G/T atgaaaaaagaacactcag	1119
ABCA1	119	intron 27 + 153	aatggtaaaagccacttgtt C/T ttgcagcatcgtgcatttg	1120
ABCA1	120	intron 28 + 1058	actatcatgggagataatga C/T tatgtttgtccatgattgga	1121
ABCA1	121	intron 28 + 1317	caggaccagtggttctgagt C/T accctgaatgtgagcactat	1122
ABCA1	122	intron 30 + 372	tatatgatttttaggttttg T/C ttatcagcttcttctgctttt	1123
ABCA1	123	intron 30 + 506	cccttttaaaagttaagcagt A/G gataaataaattcagtgag	1124
ABCA1	124	intron 30 + 1033	ctggatttcatgggtcccttt G/C attttccacatgaaggttg	1125
ABCA1	125	exon 31 + 4281	tcttccctttgcagagacac G/A ccctgccaggcagggagga	1126
ABCA1	126	intron 33 + 626	ggctccttgttactgatttc C/T gtcttttctctctgctttt	1127
ABCA1	127	intron 33 + 719	taatagccctcatgctagtg G/A ggagccggagcctgtgtata	1128
ABCA1	128	intron 33 + 726	cctcatgctagaagggagcc G/A gagcctgtgtataagggcag	1129
ABCA1	129	intron 33 + 889	ctttcctcaatgtctcagct A/G tctaaactgtgtgttaatca	1130
ABCA1	130	intron 33 + 1097	ctgtgcacccactgtctgg G/C ttttaatgtcaggctgttct	1131
ABCA1	131	exon 35 + 4760	tatgacaggactggacacca G/A aaataatgtcaaggtaaacc	1132
ABCA1	132	intron 35 + 234	aacctatctaaacctcagtt T/C cctcatctgtgaaatggaga	1133
ABCA1	133	intron 37 + 411	aaotctgtacattttatag C/T agcttatccatccattgcaa	1134
ABCA1	134	intron 37 + 1224	caggcataggtgattcagag A/G tgaagggtcaagtcctgaa	1135
ABCA1	135	intron 37 + 1720	aaattaaaattactctgact G/T ggaatccatcgttcagtaag	1136
ABCA1	136	intron 40 + 251	tgaaggtaaggaaaatagtg T/G tatttgcttgatccactgg	1137
ABCA1	137	intron 40 + 252	gaaggtaaggaaaatagtg T/C atttgcttgatccactggc	1138
ABCA1	138	intron 40 + 319	agcactggaaaagtcacaa G/A taactttgagaattaggtga	1139
ABCA1	139	intron 40 + 957	ctgttactcttttttccct G/C tcatgggtgatagccatttg	1140
ABCA1	140	intron 41 + 146	tgatgtgggcatccgcagc C/T ccctccctgccatcctgga	1141
ABCA1	141	intron 42 + 239	cattggttttatatgctttac A/C tttatgtgttagttattaaa	1142
ABCA1	142	intron 42 + 321	aatataatggttgattttgag T/A ttgagtttcatagtcacaaa	1143
ABCA1	143	intron 42 + 322	ataaatggttgattttgagt T/C tgagtttcatagtcacaaa	1144
ABCA1	144	intron 42 + 533	agatgaaaaaattatgtagat G/A ataatgaatgatacggttct	1145
ABCA1	145	intron 42 + 546	tgtagatgataatgaatgat A/G cggttctaaaaagacaggtt	1146
ABCA1	146	intron 43 + 739	tacagccacacttaaaatgg T/A ccattatgaaatacatatt	1147
ABCA1	147	intron 44 + 18	taggtgagaaaaagagtg G/C tgtattttgctgcaagact	1148
ABCA1	148	intron 44 + 264	acaatataaatttgctgttt T/C ttaagagtataatttagtga	1149
ABCA1	149	intron 44 + 279	tgttttttaagagtataatt T/C agtgatttttgtaaaattga	1150
ABCA1	150	intron 44 + 508	tttacattgctacataaaat C/T ccctatgtacatgtaccta	1151
ABCA1	151	intron 44 + 1477	gatctcctctcctgtctctt A/T catttttgcagtagcaatgt	1152
ABCA1	152	intron 44 + 1665	tggttgtaagaactgatttg G/A ttggatatagctgtgaggcc	1153
ABCA1	153	intron 44 + 1956	gtgttgctcacactcaaaat T/G tctgggcttctcattttgt	1154
ABCA1	154	intron 45 + 68	aatatataccttatgtgcttt T/C ccacagcattgacttcagg	1155
ABCA1	155	intron 46 + 608	ttatactgacttcaatagag G/C ttccagacaaaagtgtttt	1156
ABCA1	156	intron 47 + 336	ttcacaaattgtaaacaccac T/C acactgaacagcatatccc	1157
ABCA1	157	intron 49 + 55	agggtgtggattcctgcccc G/C acactcccgccatagggtcc	1158
ABCA1	158	3' UTR(exon 50)+7949	aacaaaaatgtgggtgtctc C/T aggcacgggaaacttggttc	1159
ABCA1	159	3' UTR(exon 50)+8226	aggagcccaactgtaacaata C/T tgggcagcctttttttttt	1160
ABCA1	160	3' UTR(exon 50)+8682	aactcttccactttttcca G/A aatttgaattattaacgctaa	1161
ABCA1	161	3' UTR(exon 50)+8697	ttccagaatttgaattattaa C/T gctaaagggtgaagacttca	1162
ABCA1	162	3' UTR(exon 50)+9097	aactattttgagaacaaacac A/G acatttttaacagattgaa	1163
ABCA1	163	5' flanking - (1033-1032)	tgaacttaaatatttagacat (AT) ggtgtgtaggcctgcattcc	1164
ABCA1	163	5' flanking - (1033-1032)	tgaacttaaatatttagacat ggtgtgtaggcctgcattcc	1165
ABCA1	164	intron 5 + 6368	ttctgatgggttggtgtctg C/Δ tgagaatcatgactgggtgg	1166
ABCA1	165	intron 5 + 9709	cattttctgtctgaaccccc T/Δ caccattcaggcagctgct	1167
ABCA1	166	intron 5 + 13816	tcctacttctccttttttt T/Δ catttgcctcctccaccac	1168

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
ABCA1	167	intron 10 + (270-271)	cttttcaggaggagccaaa (G) cgctcattgtctgtgcttct	1169
ABCA1	167	intron 10 + (270-271)	cttttcaggaggagccaaa cgctcattgtctgtgcttct	1170
ABCA1	168	intron 20 + (611-612)	tttagcccatctctcccc (C) gccaccctccttattgaggc	1171
ABCA1	168	intron 20 + (611-612)	tttagcccatctctcccc gccaccctccttattgaggc	1172
ABCA1	169	intron 32 + (391-392)	gagtgccctgggtactctct (T) gatgggggactccatgataa	1173
ABCA1	169	intron 32 + (391-392)	gagtgccctgggtactctct gatgggggactccatgataa	1174
ABCA1	170	intron 37 + 847	gctgtatatgtgaatgtcc C/Δ gttttcaaaagcaagccaa	1175
COMT	1	5' flanking - 1287	cgtatgatattccccattct G/A agtccagaatacctagaaat	1176
COMT	2	5' flanking - 1217	tgtgagtatgggaaggagaa G/A cttttctgtctgtttccccc	1177
COMT	3	5' flanking - 503	caggggctccaggaggagca G/A tgtgtatctctccattgtct	1178
COMT	4	5' flanking - 425	gagaagtgggaagtctggc C/T agtggggccgggtgctgtgtg	1179
COMT	5	5' flanking - 277	cccagcccatgtttccccc C/T tgggaagggggctactttgtg	1180
COMT	6	intron1 + 12058	ctggcccatgggaaggagg G/A agggggcccccagcggggcca	1181
COMT	7	intron1 + 12070	agggaggggaggggggcccg A/G cggggccacagtaaggagt	1182
COMT	8	intron1 + 18831	tgtgtatgttctgtgtaaac C/T agcccttggctttacacatc	1183
COMT	9	intron2 + 832	cctctccttggccaccctgt G/C actaccccccaactccggggc	1184
COMT	10	intron3 + 90	ggagaagctgttatcaccoc A/G ttccagggggctgggaacc	1185
COMT	11	intron3 + 425	ccccaaagggtggcggttcgg T/G gattcagagaggcgactct	1186
COMT	12	intron3 + 671	ggctcctgtcttggggaga G/A gtggggggccgtgcttgggg	1187
COMT	13	intron3 + 676	ctgctcttgggagaggtgg G/T gggccgtgcttggggatcca	1188
COMT	14	intron5 + 75	tcagcctcagcctctccaaa G/C agccaggcattccagtagag	1189
COMT	15	intron5 + 310	accagacaccaggggcagaaa C/T ggcacaggaccaaggagatg	1190
COMT	16	intron5 + 346	agatgggggtgggaagggtc G/A cctggggccagcctgtct	1191
COMT	17	intron5 + 3023	aaggcagccgcccctgtctcaa G/A gcctaggccattgtcctcct	1192
HNMT	1	5' flanking - 211	cagaggcagatgacagctct C/T cgttaaaagatttcaactgtg	1193
HNMT	2	intron1 + 5409	aataaactgataataattgg A/G acatttcatgttggcctagt	1194
HNMT	3	intron2 + 2561	cacttgtgcttggacaagaa A/G agaaggcctacaagaaaaag	1195
HNMT	4	intron2 + 2895	caatcagaatgtaagaaaa A/C ctccagaaaaaatttaagtt	1196
HNMT	5	intron2 + 3977	accaaaacttgggaagtgtc A/G ttatgcattgtatgttcattg	1197
HNMT	6	intron2 + 5296	ttaacatagtgtgttggag T/C cccaggattttattttccct	1198
HNMT	7	intron2 + 13317	caaccctcatgaattcttag C/T tgggatgggtccctataaca	1199
HNMT	8	intron2 + 14682	gtatgatgacaaatgagttc A/Δ ggagagatttaaatacccta	1200
HNMT	9	intron2 + 15406	gtctatgcattcatgcattc G/A tctaaccagctgtctacct	1201
HNMT	10	intron2 + 28943	atgtgacttaaacctcaggt A/G tatcaatatcccttgaatgt	1202
HNMT	11	intron4 + 49	cagaaaagaagacttttcaga A/G tatatatataaatgaatatct	1203
HNMT	12	intron4 + (1942-1943)	tttgagaaaaatttaaggt (A) tcttctatggccacttcca	1204
HNMT	12	intron4 + (1942-1943)	tttgagaaaaatttaaggt tcttctatggccacttcca	1205
HNMT	13	intron4 + 2405	ccctgtgaccaagcagataa C/A ctcatgctttattttagtcca	1206
HNMT	14	intron5 + (80-81)	cctgtgtttgaagaagctt (TT) atatatatttgtcttcattat	1207
HNMT	14	intron5 + (80-81)	cctgtgtttgaagaagctt atatatatttgtcttcattat	1208
HNMT	15	intron5 + 235	ctttcttttgggaaaaatag T/C ctttcttctctatatatgaa	1209
HNMT	16	intron5 + (702-703)	tacttacaggttgattttag (AT) acacagcagactctgtcttc	1210
HNMT	16	intron5 + (702-703)	tacttacaggttgattttag acacagcagactctgtcttc	1211
HNMT	17	intron5 + 749	ttacaccagaccctactt T/G aacaccatattgtcacaaaat	1212
HNMT	18	intron5 + 1101	gtaggcagcctattcttgat T/G atattcatcaatcatacaga	1213
HNMT	19	intron5 + 1137	acagaaaaagtattgttagc G/A gaaataacaattcattgaga	1214
HNMT	20	intron5 + 1348	aaggggagcatgaatagttcca C/G aagtaactgagaactgatta	1215
HNMT	21	intron5 + 1673	caaaaagaaaggagtaagaa C/G tcaacaatcagtttagctttt	1216
HNMT	22	intron5 + 2022	attttatttggggctttcta C/T gtctctctctcctaagccta	1217
HNMT	23	intron5 + 2285	tgtcacttaactcttaaa G/C atccagagtaaatgatggag	1218
HNMT	24	intron5 + 4159	taccagttgaccagcaacc C/T tcttatagagtatttta	1219
HNMT	25	intron5 + 4501	aatgatccacaaaatttcta C/G tcattgttttctttcaatga	1220
HNMT	26	intron5 + 5251	cacacacacacacacacac C/G caaatggaagcagccagaca	1221
HNMT	27	intron5 + 5802	gaaaaagaaaaatctgctta C/T atcatgttgaaacaaaagt	1222
HNMT	28	intron5 + 6189	ttcaattccacttctccta G/C agcatatcctgcagttacct	1223
HNMT	29	intron5 + 6297	gtcttgggttcatctcttag T/A taaattagatctgggaactt	1224
HNMT	30	3' flanking + 458	tatgtcactctcaagaactc C/T tataagaccaagagtcatt	1225
HNMT	31	3' flanking + 993	ctgaaaatgaacctgaacc G/A ttaatcatactgatatgtac	1226
HNMT	32	3' flanking + 1793	gtggagcacagcatttttag G/A ctgtatatttgcattattata	1227
GAMT	3	intron5 + 1411	ggtagcctgggtgccatccc G/A accaggagacgcagggtgcc	1228
PNMT	2	intron1 + 35	ctgaggcacaggaggaagaa G/T gtcctcggggagtgaagca	1229
CYP1A1	1	intron 1+1590	ccactcttcaaaaggaggt (C) atgtgacagcagctggaaat	1230
CYP1A1	2	exon2+160	gaatccaccaggcccatggg G/A ctggcctctgattgggcaca	1231
CYP1A2	1	5' flanking-731	gcctgggctagggttaggg T/G cctgagttccgggctttgtc	1232
CYP1A2	2	intron1+371	cttccctgtgttcacactaa C/T cttttccttctttgaaattg	1233
CYP1A2	3	intron3+44	atagccaggagaagccttga G/A acccagggtgtttgttcagt	1234
CYP1A2	4	intron5+81	tccctgtcaggaaactgttta T/C ataatgaaaggaggagcct	1235
CYP1A2	5	exon6+181	ctggccatcctgtcacagca A/T ctggagttcagcgtgcccgc	1236
CYP1A2	6	exon6+295	cggtcgcgtttccatcaa C/T tgaagaagacaccaccattc	1237
CYP1B1	1	5' flanking-3669	tgtatcctgtgaagatcac G/A gttatccttctctgcacatg	1238
CYP1B1	2	5' flanking-3149	tgcagcaccttaccaccta G/C ttccctgtgatttttgagtaa	1239
CYP1B1	3	5' flanking-1222	gggggaagccacccccggc G/A agcgcctccggcttcccta	1240
CYP1B1	4	5' flanking-376	ttccgggaagcaagctcaag T/C ccgggagaggggaaggagt	1241
CYP1B1	5	5' flanking-265	ctggggacaccgtgcccgt C/T gattggagggtgctgtgatg	1242
CYP1B1	6	intron1+129	tgcggcagcgtttgcccga G/A attgcaggagaccgttacgcg	1243
CYP1B1	7	intron1+379	tgagtgtcacgccttctct C/T tctgtcccagcatgggcac	1244
CYP1B1	8	exon3+ (799-800)	agcttctgggagatttttt (T) gagtcaaaagacttaagggc	1245
CYP1B1	8	exon3+ (799-800)	agcttctgggagatttttt gagtcaaaagacttaagggc	1246

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
CYP1B1	9	exon3+1284	agtatagtgggggttccatga G/T ttatcatgaatttttaaagta	1247
CYP1B1	10	3' flanking+2226	ttcttttttctttttttttt T/Δ aaaattttatctatttccct	1248
CYP1B1	11	3' flanking+ (2226-2227)	ttcttttttctttttttttt (T) aaaattttatctatttccct	1249
CYP1B1	11	3' flanking+ (2226-2227)	ttcttttttctttttttttt aaaattttatctatttccct	1250
CYP1B1	12	3' flanking+2230	ttttttttttttttttttt A/Δ ttatttccattttcccttaca	1251
PEMT	90	intron1 + (297-299)	attgtgtgagactcagagggt TGT/Δ ccgtgttagtctttgggatt	1252
PEMT	91	intron1 + 817	tcattgaagcctgttaaggcac A/G tctctgcccccaagcagcttc	1253
PEMT	92	intron1 + 830	aaggcacatctctgccccaa G/A cagcttctaataccagttctt	1254
PEMT	93	intron1 + 1035	gagttctctgaaggagctaa T/C accagtttagtgttttgaaga	1255
PEMT	94	intron1 + 1573	agtgaggcaggggagactaac C/T ggggtgtgaggggtggct	1256
PEMT	95	intron1 + 1759	gatttttcttaaaagaagaa A/G gaaagaacatacaacatac	1257
PEMT	96	intron1 + 2768	gcattcttgctgcccacagg C/A ggggcacctccaggattcag	1258
PEMT	97	intron1 + 2785	ggccggggcaccctccaggat T/C cagaagtagctccagtagg	1259
PEMT	98	intron2 + 4598	ccgtgggtttttttttttt T/Δ ctctatttctttgtttgtg	1260
NAT2	21	exon2 + 288	atgttaggggggtattttta C/T atccctccagtttaacaaata	1261
NAT2	22	5' flank - 2053	ctggattgcaacattttta T/C ccagggtgcaggttttccaac	1262
NAT2	23	5' flank - 1299	gaatcaccagtgccggaggat A/G taacagtgaaaccaagacac	1263
NAT2	24	5' flank - 1145	ctgtagaacacaaaggatatt C/T ggaggcagtttgtacatgcc	1264
NAT2	25	5' flank - 1036	ccttcccacagagtcocagg T/A tcatgtggcagcatgccaga	1265
NAT2	26	5' flank - 94	aaagatttgcctaaggattc G/A cagaggcaacctgaggccct	1266
NAT2	27	5' flank - 643	atgtttatattttatattaa T/C attaatgttaataaaaaattt	1267
AADA	1	5' UTR + 29	attaaagtacattattcagg C/T atattcatgttaggtttacttt	1268
AADA	2	intron1 + 137	gcctgtggcctttgacaattg G/A ttacttagaaattgtgtttg	1269
AADA	3	intron1 + 141	tggcctttgacaattgttta C/T ttagaattgtttgtttgttt	1270
AADA	4	intron1 + 1034	ttccagcagagacaccaaca A/G gtaaaacaccccagctaca	1271
AADA	5	intron1 + 1253	tttttttccctcatatttgc T/C gtctgtgctacaataatgtga	1272
AADA	6	intron1 + 1365	ctctggttagccttttaatta A/G ttaattcatttcatttactta	1273
AADA	7	intron1 + 1368	tggtagccttttaattaatt A/C attcatttcatttacttacct	1274
AADA	8	intron1 + 2500	aggttacagaagaatgggtg C/A ttggccaaaaaatgatattg	1275
AADA	9	intron2 - 819	taatgagagtttaagtaggag A/C attttcttttatttttgtgc	1276
AADA	10	intron2 - 802	gagcattttcttttattttt A/G tgcaggagaaatataaaaca	1277
AADA	11	intron2 - 449	agggtgccttttctattgtcc C/T atgcagacttaggtgatcct	1278
AADA	12	intron2 - 244	gtctgacacagaaggatcaa T/A ggcataatgtgcaagacaaa	1279
AADA	13	intron2 - 181	taggaggttcacctgggaaac T/C tgaattccactgagtcata	1280
AADA	14	intron2 - 127	tataaatcacagtgttaaaatt T/C gtctctcgtatttttaaggta	1281
AADA	15	intron4 + 605	tgtgtcagtaaaatattata T/C taagtagggtgaatgagatca	1282
AADA	16	intron4 + 621	tattattaagtaggtgaatga G/T atcatgttaattgtgagacta	1283
AADA	17	intron4 + 679	ttagagattcagacgaattc A/G tataatcttcgatgtgtgat	1284
AADA	18	intron4 + 1681	gttaaaatgtgataaaatc C/T acaatttgcaaaatatttgg	1285
AADA	19	intron4 + 1750	atttagaagttctatatac T/C ttatagttatattacacact	1286
AADA	20	intron4 + 1773	tatagttatattacacactc G/A aaaaacacaaaattatttttt	1287
AADA	21	exon5 + 238	caagtcattctcttcaaaatt A/G ttaattggagttccctgtct	1288
AADA	22	3' UTR + 121	ttagaattgtgtctttctta A/G aatggtctagtttaagttcca	1289
NTE	1	5' flanking - 535	cacgatctgtctcccgattc C/T tgttaactctagactttctg	1290
NTE	2	5' flanking - 15	gtaaaatccccggcaaaaacc A/G gcagcgcccttgcaagccccc	1291
NTE	3	5' flanking - 748	agcatggcgccggggaggag G/T gtggagggtcggggaggag	1292
NTE	4	5' flanking - 690	tgaataatttaaggggccgc T/C gcctgcggagccggcgga	1293
NTE	5	intron6 + 605	tcttgccatatacttagtgg A/G ggggtctacatcaggggttt	1294
NTE	6	intron6 + 748	agcctccagcctctctctc C/T ggggttattctcaggcatct	1295
NTE	7	intron6 + 987	gggtcgtggctctgggatccc C/T gtgcgtcatgtagtctacct	1296
NTE	8	intron6 + 1882	tggcctcaagcaatcctccc G/A cctcggcctcccaaaagtct	1297
NTE	9	intron6 + 2222	gaatgtttatgtagaacaga A/G agactgtatctgcggtcttc	1298
NTE	10	intron12 + 166	tatctggtaccagggaagct C/G tggcctcgtccccaaggggcc	1299
NTE	11	intron13 + 69	atccagggtccacccgctgcc C/T gtcttgattgttttaattctg	1300
NTE	12	intron14 + 8	agccccgcctcgggttaaggc C/T tgggaccctgcccgtgggtg	1301
NTE	13	intron16 - 113	gccaccgcggccttgcgcctt T/C atatttttcttaacccttcc	1302
NTE	14	intron21 + 34	agagccggccggcccgagagc A/G tgcgtggagatgtagtccgg	1303
NTE	15	intron21 + 128	gaagaatctgtcccctgag G/A gtttcaaaccttaagtagga	1304
NTE	16	intron21 + 151	ttcaaaccttaagtaggacc C/G aggtgcagagcattctgggg	1305
NTE	17	intron21 + 651	ccactgtactccagccggga C/T gacagagctagaacctgttt	1306
NTE	18	intron21 + 737	tggaaaatagtctgtggatt G/T ttgttttaggactctgggcac	1307
NTE	19	intron21 + 1752	acagctgggtctaggctgtta G/C tggagaaactgggaagcaac	1308
NTE	20	intron21 + 1788	gaagcaacagctgggtcaaa A/Δ gtacgttttcttttcttggc	1309
NTE	21	intron21 + 1907	cactgcaacctctgctccc A/G ggttcaagtgtattctcctgc	1310
NTE	22	intron21 + 2065	ctgcctcgttttatgttcag G/T tccccatttagacagaggaa	1311
NTE	23	intron21 + 2336	agtcctgggagcagaggagca G/A gaatttcagataaggaggaa	1312
NTE	24	intron23 + 41	tggggagggtgtgtgggtgg G/C ctggagcctcaaatcttttc	1313
NTE	25	intron23 + 71	caaatcttttcagacctgag T/C tcaagtctcgggttccaac	1314
NTE	26	intron23 + 81	cagacctgagttcaagttct C/T ggcttccaaccacggagcct	1315
NTE	27	intron24 + 150	gtggggcggtctgtgacctc A/C gccgtccgtatttcccgact	1316
NTE	28	intron29 + 37	gcctgcagcaaccgctgacg T/C cactgggggttggggggatg	1317
NTE	29	intron29 + 370	cgctccaggtcagcggagccc G/A tggggccggctgggctccg	1318
NTE	30	intron30 + 56	acctcccgcaaccacacacac G/A cacacgcgtgggcacacaca	1319
NTE	31	intron30 + 358	aaaaatacaaaaaaataacc A/G ggtgtgtgggtgtgtcctgt	1320
NTE	32	intron30 + 372	ttaaccaggctgggtgggtg T/C gcctgttaatcccagctactc	1321
NTE	33	intron30 + 430	aaatcacttgaacctgggag G/T tggaggttgacgtgactga	1322
NTE	34	intron30 + 655	gtgtgcacaccagctatata T/C gcaaatgctttctctcaggg	1323
NTE	35	intron30 + 659	gcacaccagctatatatgca A/C atgctttctctcagggggag	1324

Table 1

JP2001-135256

Designation of Gene	No.	Location	Sequence	SEQ ID NO
NTE	36	intron30 + 760	tgaatagggcatttggcaa C/T gcatgccagtcgtcccggt	1325
NTE	37	intron30 + 835	gcacacacgtagataggatg I/C ggacacctgaccgagttaa	1326
NTE	38	intron31 + 40	tggtgcctgcataggtggtc I/C ggctaagctttgctacttaa	1327
NTE	39	intron31 + 41	ggtagctgcataggtggct G/A gctaagctttgctacttaa	1328
NTE	40	intron31 + 1329	gtctgtcaagggcaggacag G/A ggatgtgtaggcgagtggtc	1329
NTE	41	intron35 + 31	aatggcttctgtcgttttc G/A gactggggaccacacctctg	1330
DDOST	8	intron2 + 1299	atcttctgatgactggggtt C/T ggtagcagtaactgggtttg	1331
DDOST	9	intron2 + 1581	gatactgttgggtggagaaa I/C gacagagagtgtaaacagt	1332
DDOST	10	intron2 + 2822	gtttctcaacagggtgcattc I/G tgacgtttcagactggataa	1333
DDOST	11	intron2 + 3392	cagaagggcgtggaggcctgc C/T gcgcctccctctgttgctgc	1334
DDOST	12	intron5 + 495	attgcttgaaccaggaggc G/A gaggttgcagtgagccaagg	1335
DDOST	13	intron6 + 226	ggaaactgcttgggtcacagc C/T tcgttttggttccagttacc	1336
DDOST	14	intron8 + 303	aagagaaataggctattagg A/T tgaatttgttaggcaagaga	1337
DDOST	15	3' flanking + 40	cacagcgtggagacggggca G/A ggaggggggttattaggatt	1338
MRP2	1	5' UTR + 14	catattaatagaagagctct C/T gtccagacgcagtcaggga	1339
MRP2	2	intron 2 + 189	atcaaatggctgttggattt I/C gcataagaatggtagctctt	1340
MRP2	3	intron 1 + 413	gataagttctagaactggaa A/C ctaatgataggactagaag	1341
MRP2	4	intron 2 + 3636	gtcataatccaccccccaat C/A atgcagccaaggttactgaa	1342
MRP2	5	intron 2 + 3986	agttatgaacaggatttttc C/T gggactgggttcttagtct	1343
MRP2	6	intron 2 + 4075	aggtttccagatgtgttccc I/C aggcattcctgggttagga	1344
MRP2	7	intron 2 + 4168	cttattcttttgggtcagttgg C/T ttctaccacctcttagctt	1345
MRP2	8	intron 2 + 5370	gttaaggatatgtgaactca A/G aattttttatcacagtgcaa	1346
MRP2	9	intron 2 + 4433	ggactagtgggaatttaga C/G ctttccgtgaataaataagatc	1347
MRP2	10	intron 2 + 3930	aaaactggcaggagaatttc A/G ctggagctgcagtcaggact	1348
MRP2	11	intron 2 + 4257	gggtattggaaagttcttgc G/A gctgctggaggctgcgggtg	1349
MRP2	12	intron 3 + 772	ggataaggcaagatttttt A/T aaaaaaattaatgtctaatc	1350
MRP2	13	intron 7 + 1658	ggactcttaccagcttagtt G/T cctggttttctaatctaaaa	1351
MRP2	14	exon 10 + 40	tggccagggaaggagtagacc G/A ttggagaaacagtgaaacctg	1352
MRP2	15	intron 11 + 1672	aactttttaagttcttaagac I/A ggaaggcctgtgtcctaggc	1353
MRP2	16	intron 12 + 148	ccctctcaccgccccatgcc A/G cttttctcctttgtaccat	1354
MRP2	17	intron 2 + 1020	agtgtctgcgattacaagcct G/C agccacctgcacagcctctg	1355
MRP2	18	intron 2 + 5227	taccataatttatgtgtcct A/G tatgacatgaatttcattgg	1356
MRP2	19	intron 2 + 5373	gttaaggatatgtgaactca A/G aattttttatcacagtgcaa	1357
MRP2	20	intron 2 + 5538	ttaatgaggttaagcacatg G/T tcatatgttttaaaagccttt	1358
MRP2	21	intron 13 + 180	catgagttttctgagcccca G/C ttatcttaactataaaatga	1359
MRP2	22	intron 13 + 1497	gtgcagggtcccccgtatgc I/C atagccagttcctctttaga	1360
MRP2	23	intron 15 + 169	atgagctgaaagcaaaaggtt I/C tcagcccttccccgtataa	1361
MRP2	24	intron 15 + 949	ttccagggtgacacatttagt A/G cctaatttgggaaatgttaa	1362
MRP2	25	intron 15 + 984	tgttaatctagtccaatccc A/C ttagttaagaaaggaggggtc	1363
MRP2	26	intron 16 + 4059	catcctgatgcacagttatt C/T aaatttaagctccatttgtt	1364
MRP2	27	intron 19 + 10899	atgtatggagttattatgga G/A taaagtattccatgctgtat	1365
MRP2	28	exon 22 + 51	caagcaataggattgttttc G/A atattcttcatcatccttgc	1366
MRP2	29	exon 22 + 56	tatactgaggatctttctga C/T agggaggaattattatgtcc	1367
MRP2	30	intron 23 + 734	tgagccaactactgtactag G/A cactggggcactcaatgaat	1368
MRP2	31	intron 23 + 801	atggggcagaccacactcac I/G gatttttttagtgatctgag	1369
MRP2	32	intron 27 + 124	gggtccctaaagtttccttt C/G ctctaactcaaggacctaa	1370
MRP2	33	exon 28 + 52	cagattggcccagcaaggc A/C agatccagtttaacaactac	1371
MRP2	34	exon 28 + 84	aacaactaccaagtgcggta C/T cgacctgagctggatctggt	1372
MRP2	35	exon 28 + 129	agagggatcacttgtgacat C/T gtagcatggagaaggtagg	1373
MRP2	36	intron 29 + 154	ttccctaggatggacacgtc A/G ttccagaaactttgaaatgt	1374
MRP2	37	intron 30 + 91	gtgttaggtgatgcctggca I/C agaattttcatccaggtctg	1375
MRP2	38	intron 31 + 170	gccaaaattttacatcacgc A/G aatgaaaacgaacaaggttta	1376
MRP2	39	intron 26 + 154	ctggtccatcttttaccga I/C ggacgtatttccttactcttc	1377
MRP2	40	3' -flanking + 739	gtgaatttttattataagct C/T gttctccttaaaactttatc	1378
MRP2	41	intron 3 + 1145	acatcccttctcccctcagtc C/T tcggttagtggcagttattct	1379
MRP2	42	intron 26 + 432	tggcagtagagcagggtgag G/A aggattattctgcagaggaa	1380

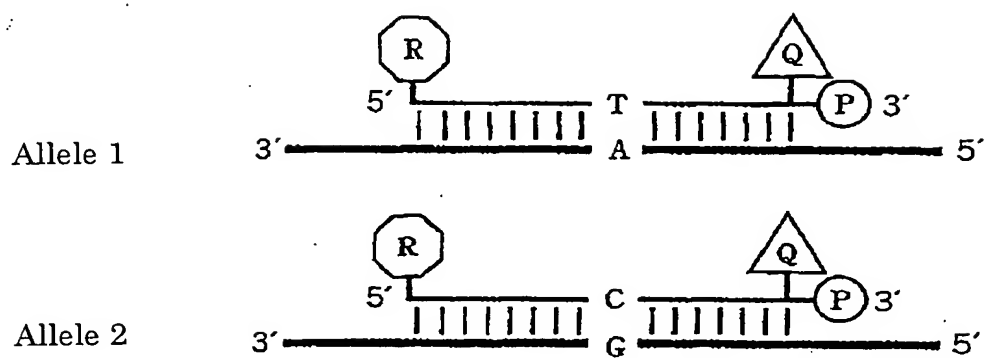


Fig. 2

a. Hybridization



b. PCR Reaction



c. 5' Nuclease Activity

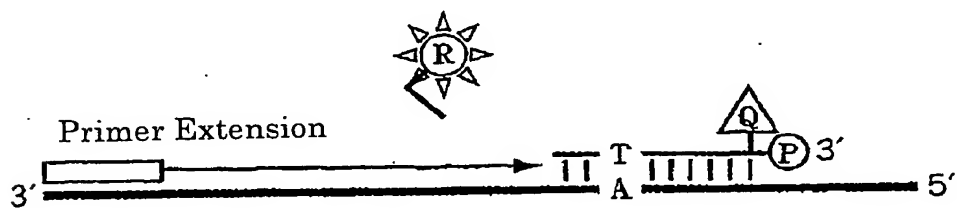


Fig. 3

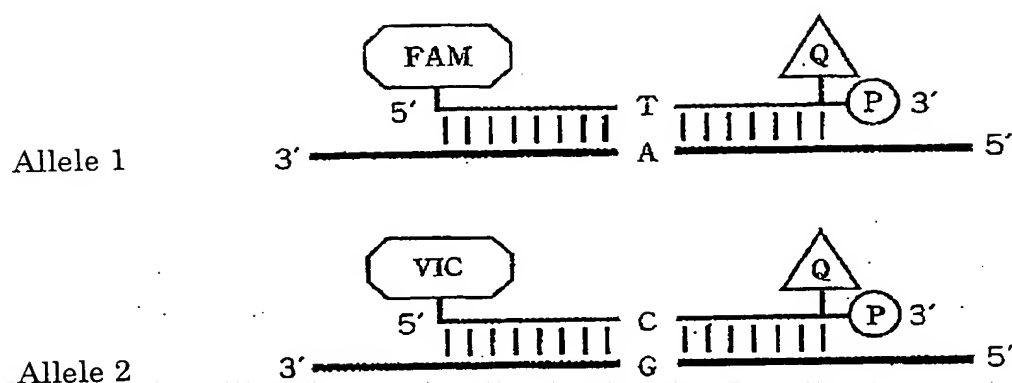
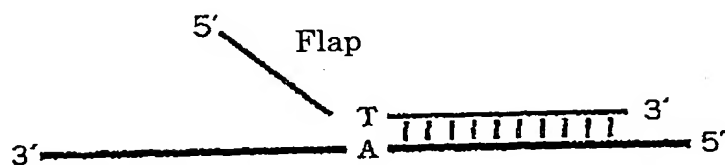


Fig. 4

a. Allele Probe



b. Invader Probe



c. 5' Nuclease Activity

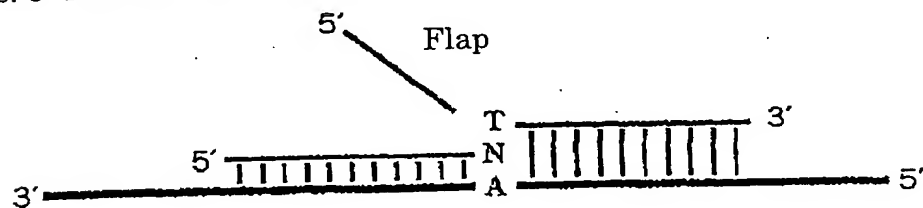


Fig. 5

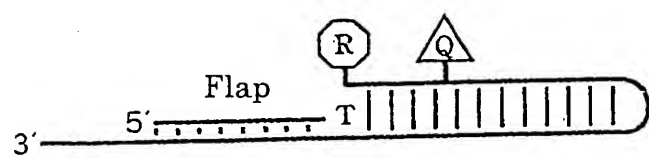
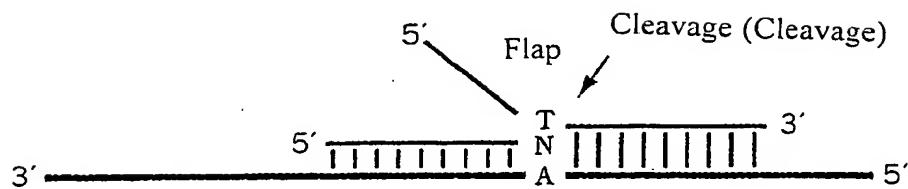
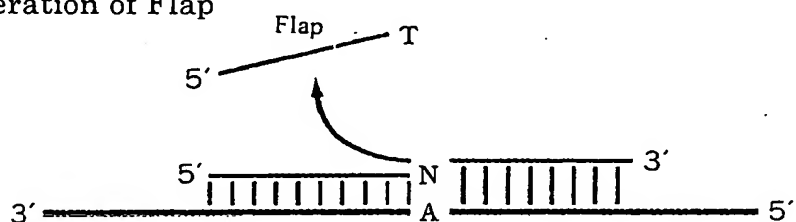


Fig. 6

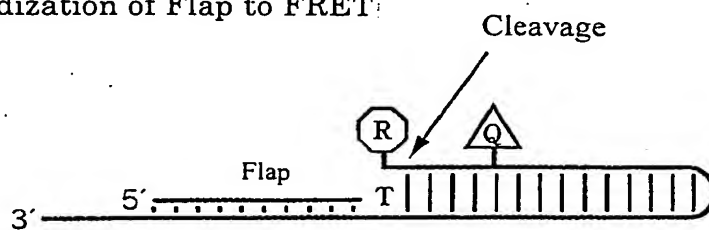
a. Cleavage of Allele Probe by Cleavage



b. Liberation of Flap



c. Hybridization of Flap to FRET



d. Liberation of Fluorescent Dye

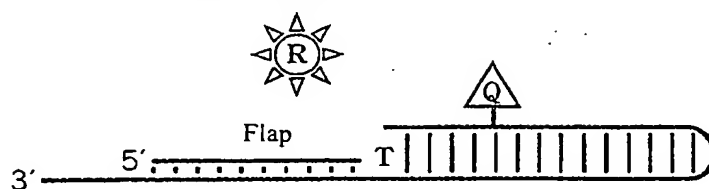


Fig. 7

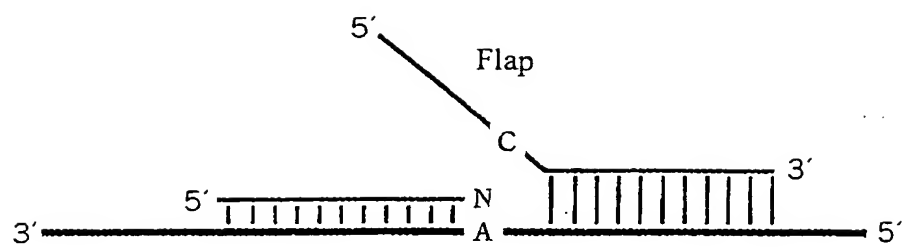


Fig. 8

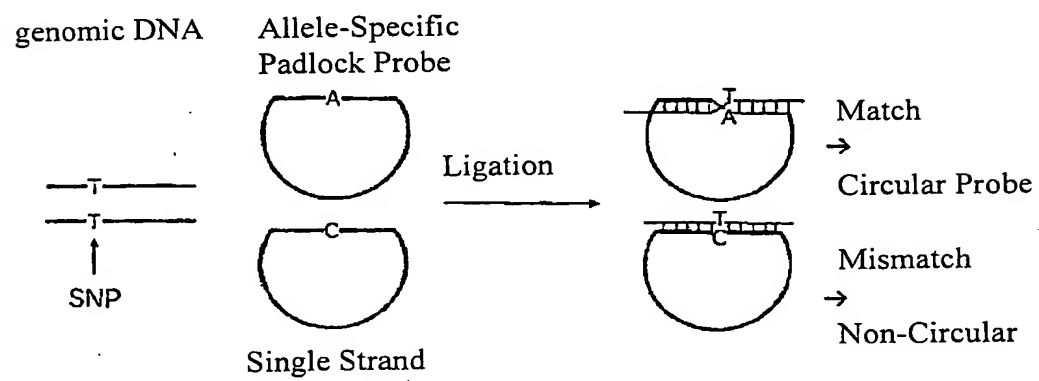


Fig. 9

ATP binding cassette, sub-family B, member 2 (ABCB2)

ACCESSION X66401

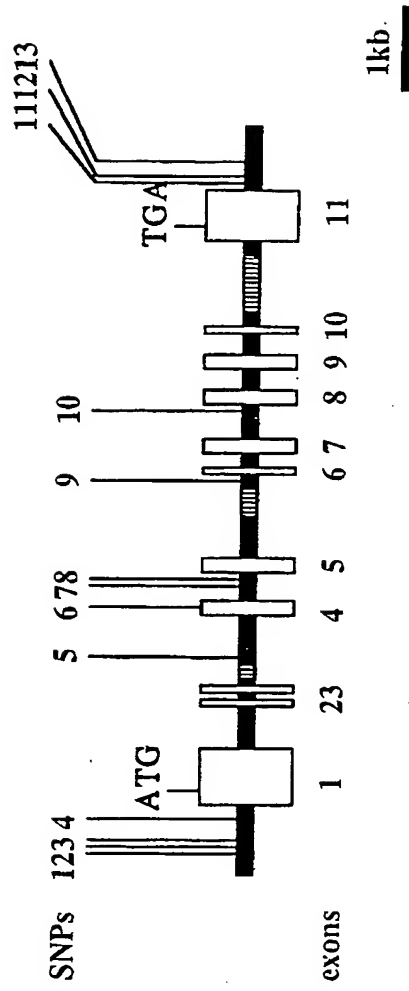
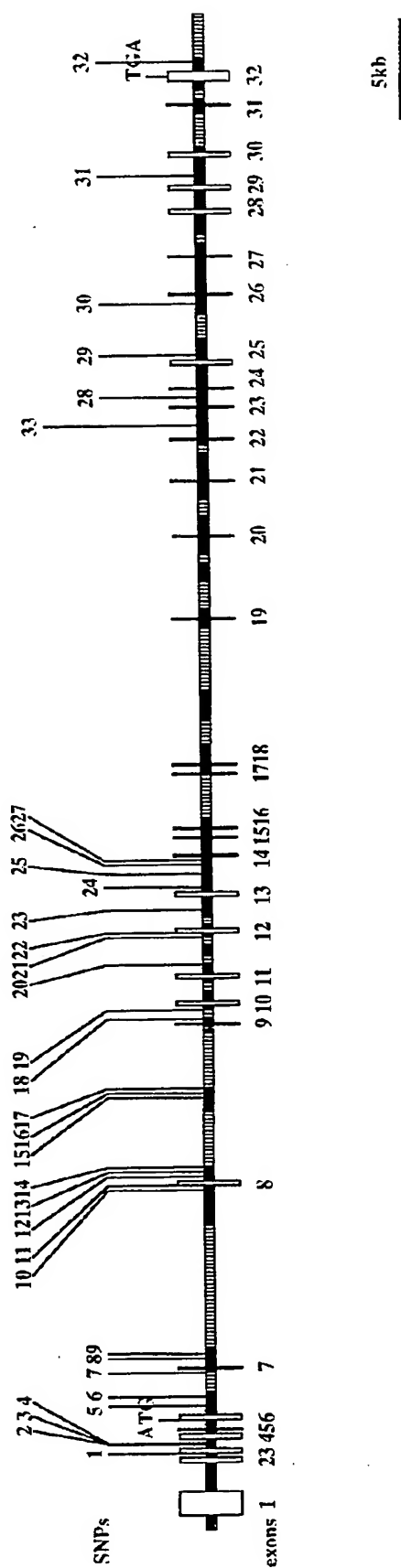


Fig. 10

ATP-binding cassette, sub-family B, member 4 (ABCB4)

ACCESSION AC079591
AC079303
AC005045



Epoxide hydrolase 1, microsomal (EPHX1)

ACCESSION AC058782

Fig. 11

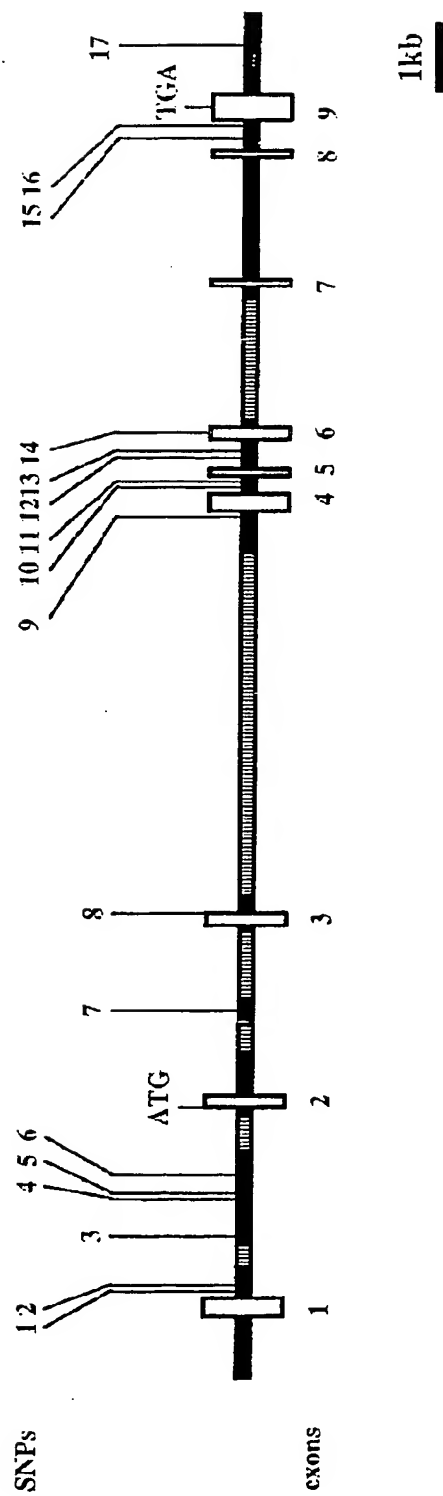


Fig. 12

Epoxide hydrolase, cytoplasmic (EPHX2)

ACCESSION AC010856

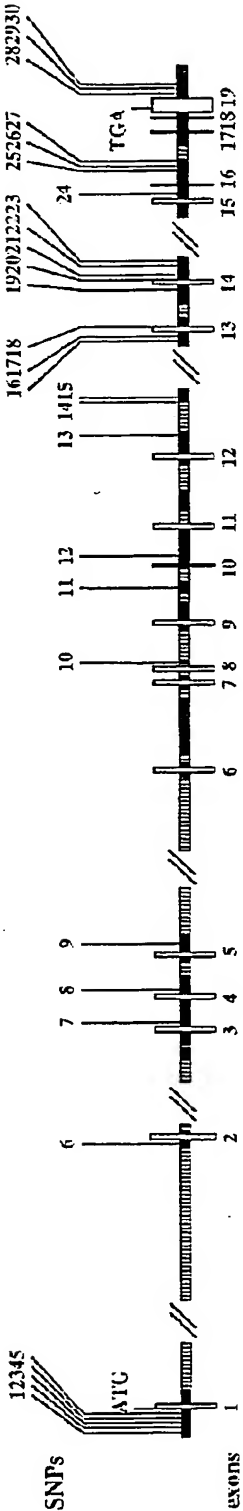


Fig. 13

Guanidinoacetate N-methyltransferase (GAMT)

ACCESSION NT_000879

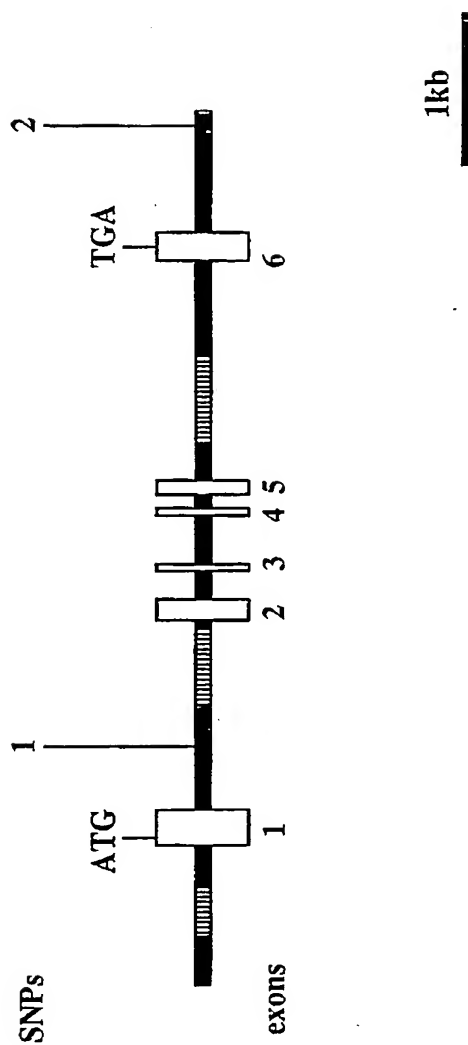
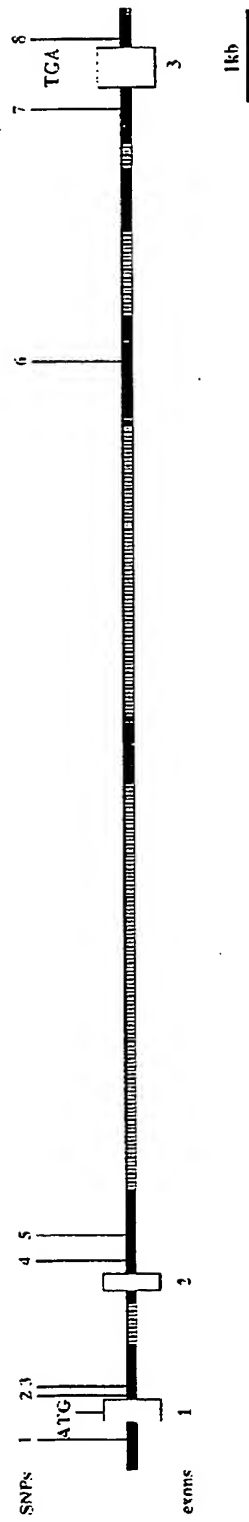


Fig. 14

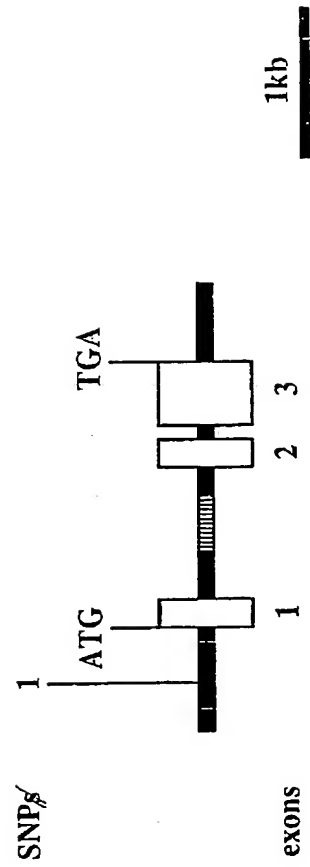
Nicotinamide N-methyltransferase (NNMT)

ACCESSION AC019290



Phenylethanolamine N-methyltransferase (PNMT)

ACCESSION AC040933



[Fig. 15]

Fig. 16

Phosphatidylethanolamine N-methyltransferase (PEMT)

ACCESSION AC020558

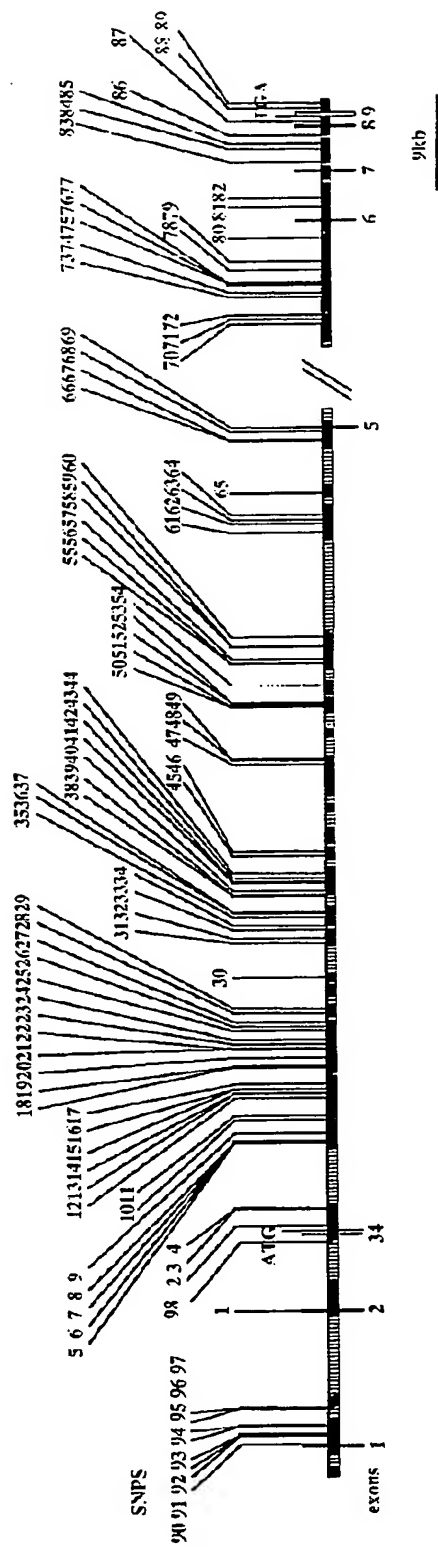


Fig. 17

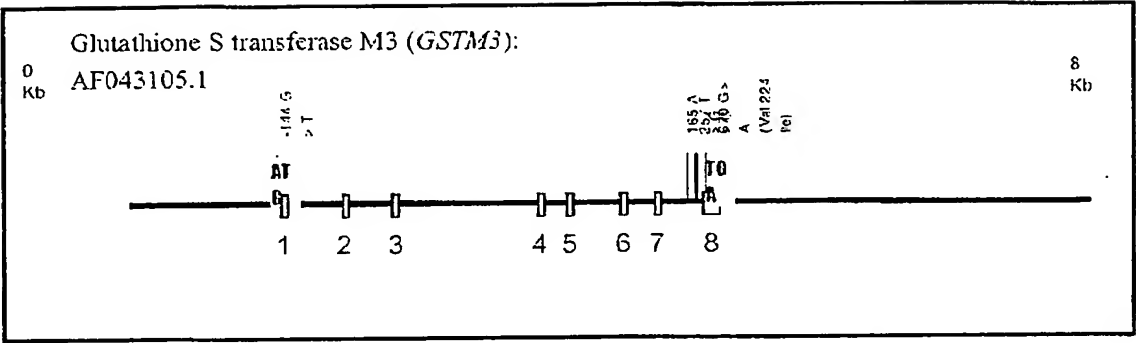


Fig. 18

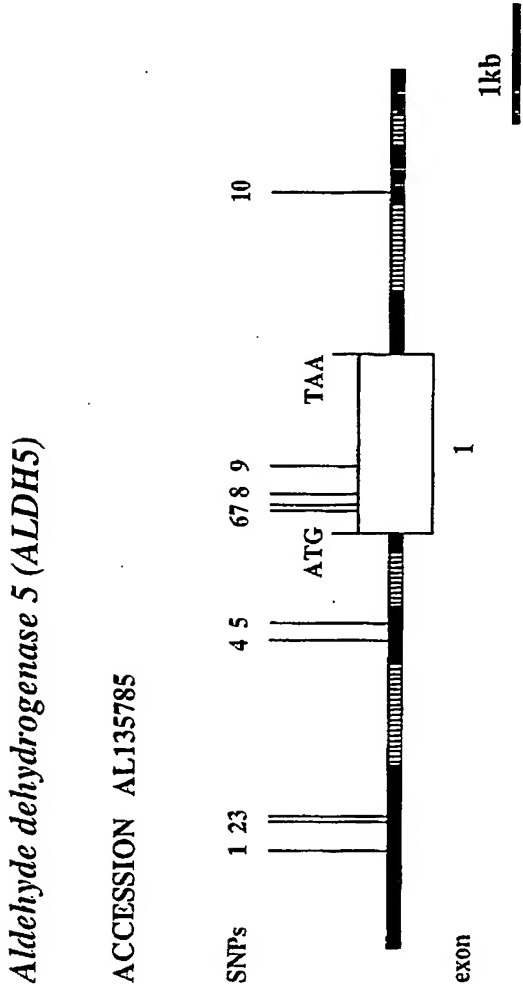


Fig. 19

Transglutaminase 1 (TGM1)

ACCESSION M98447



Fig. 20

Gamma-glutamyltransferase 1 (GGT1)

ACCESSION D87002

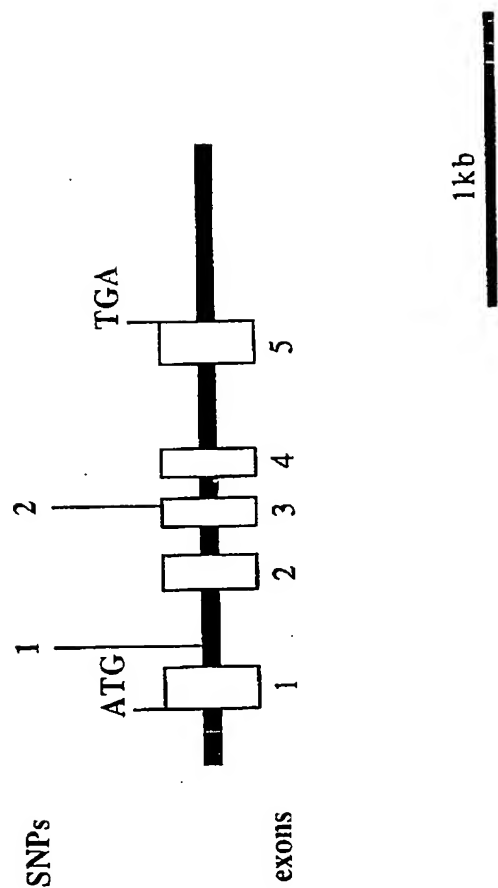


Fig. 21

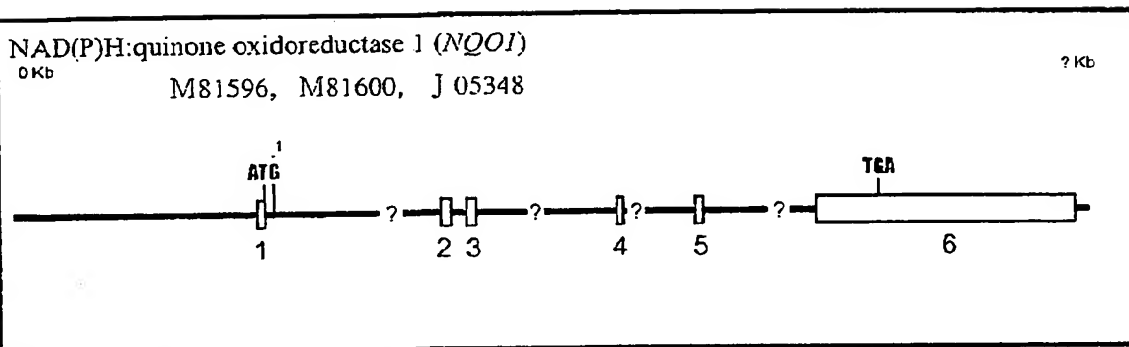


Fig. 22

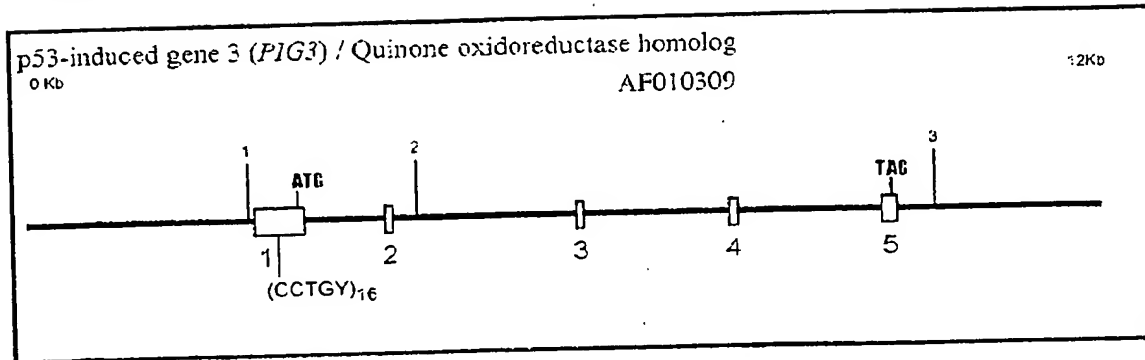


Fig. 23

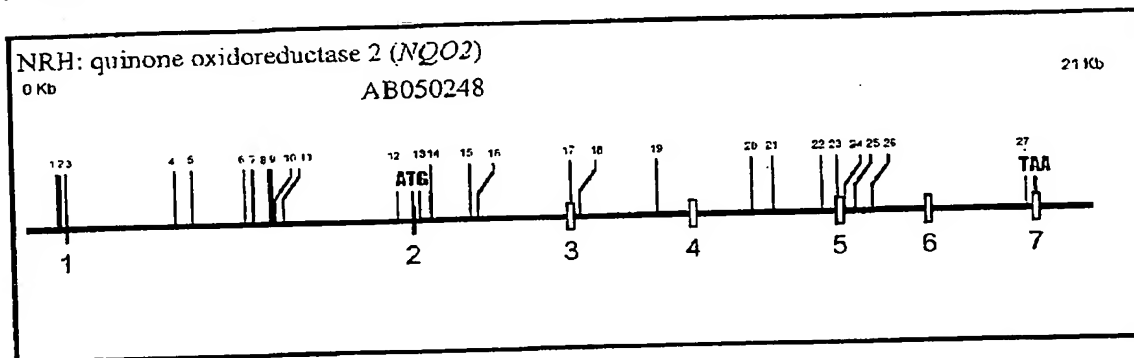


Fig. 24

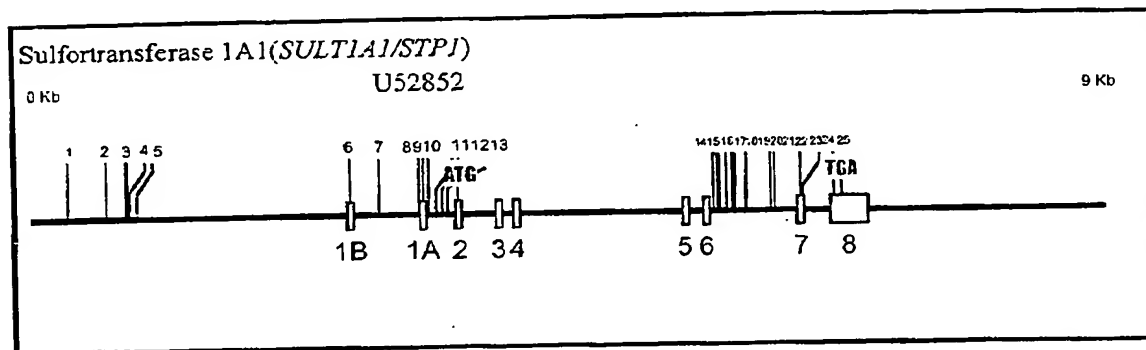
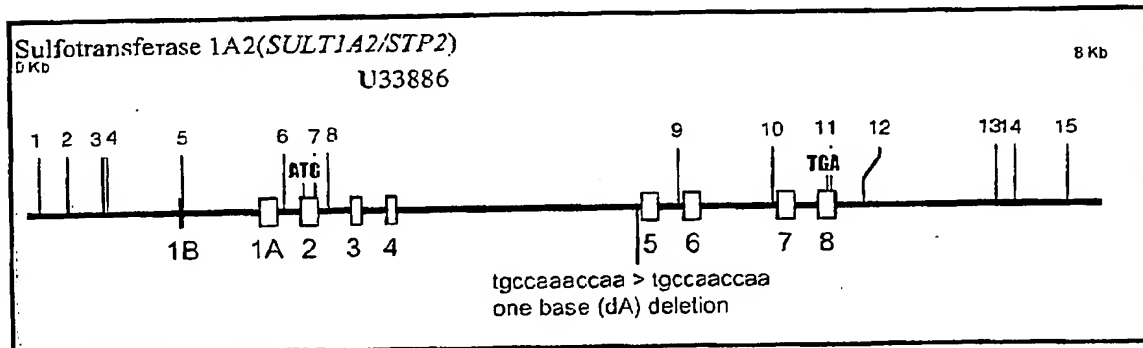


Fig. 25



Sulfotransferase-related protein 3 (*SULTX3*)
AC083393

0 Kb 40 Kb

12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 27 28 29 30

ATG

1 ggtgtgggggcagctc > ggtgtgggggcagctc
dG one base deletion polymorphism

2 3 4 VNTR

5 ttcattctctctcgc > ttcattctctctcgc
dC one base deletion polymorphism

6 7 TAA

Tyrosylprotein sulfotransferase 1 (*TPST1*)
AC026281

0 Kb

>10 Kb

1 23 4 56 67 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19

ATG TGA

1 2 3 4 5

[illegible]

Sulfotransferase 1A3 (*SULT1A3/STM/ HAST*)
0 Kb L34160 12Kb

Diagram illustrating the structure of the Sulfotransferase 1A3 (*SULT1A3/STM/ HAST*) gene. The gene is shown as a horizontal line with exons represented by boxes. The exons are numbered 1 through 8. The start codon (ATG) is located in exon 2, and the stop codon (TGA) is located in exon 8. The gene is flanked by 0 Kb and 12Kb markers.

Fig. 30

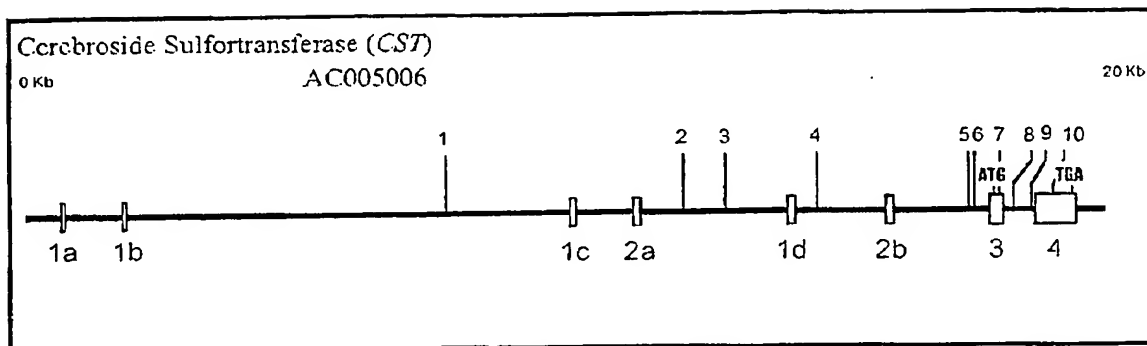


Fig. 31

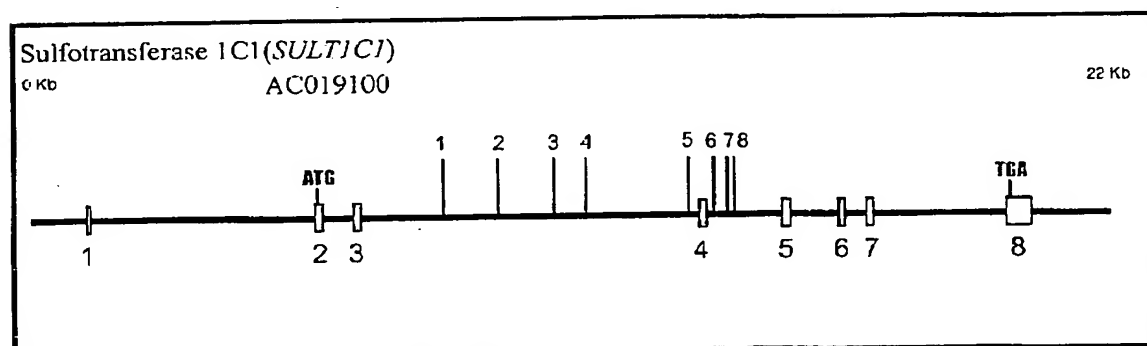


Fig. 32

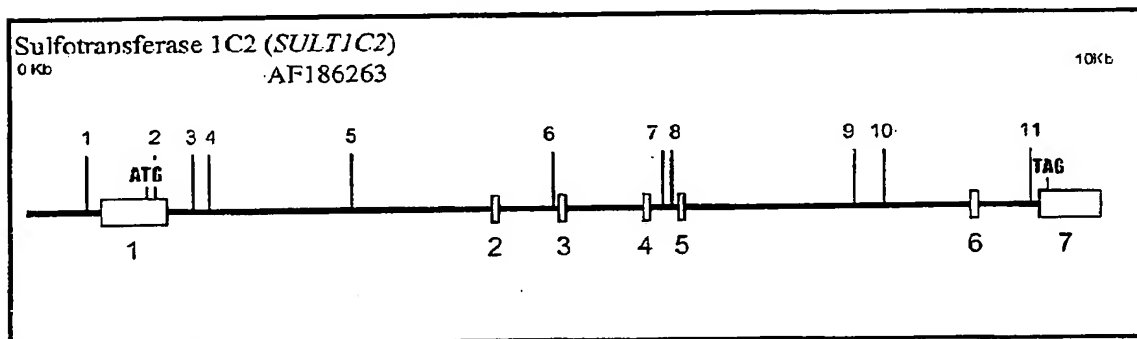


Fig. 33

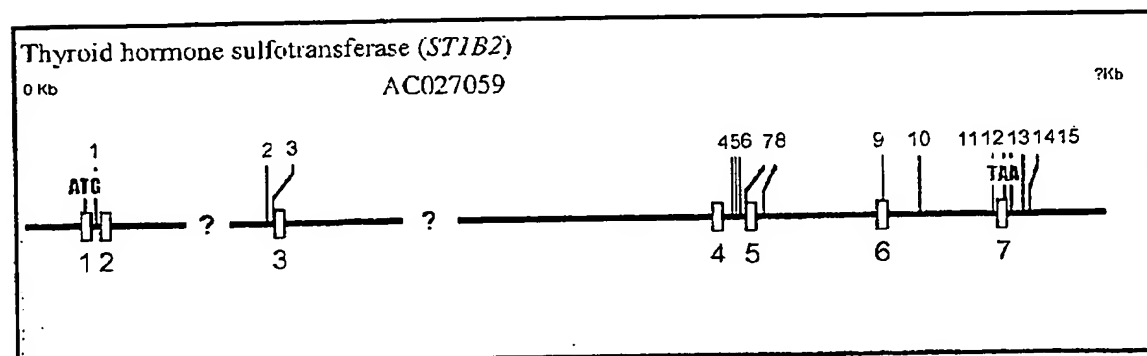


Fig. 34

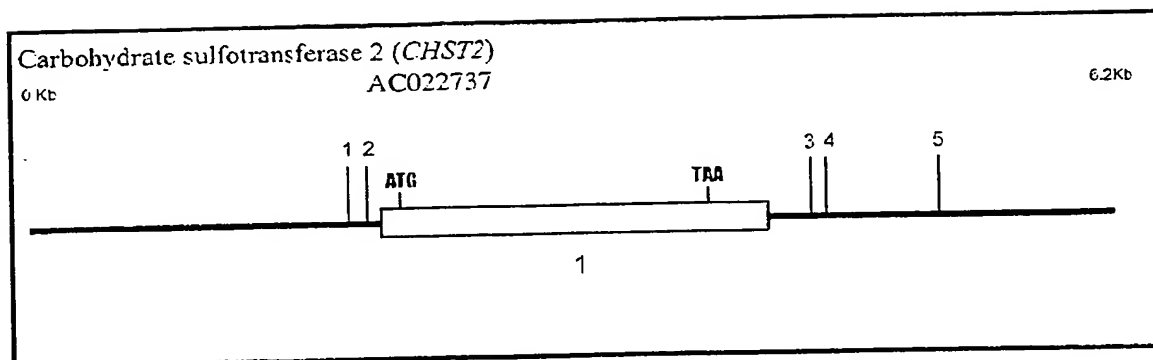


Fig. 35

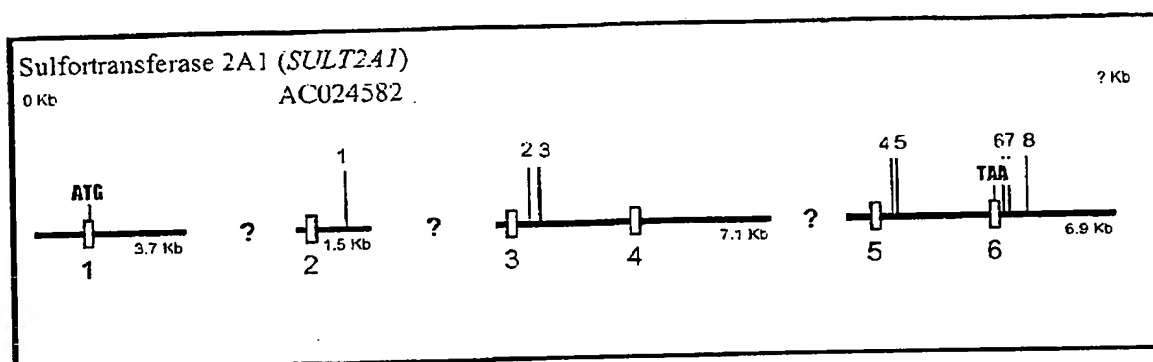


Fig. 36

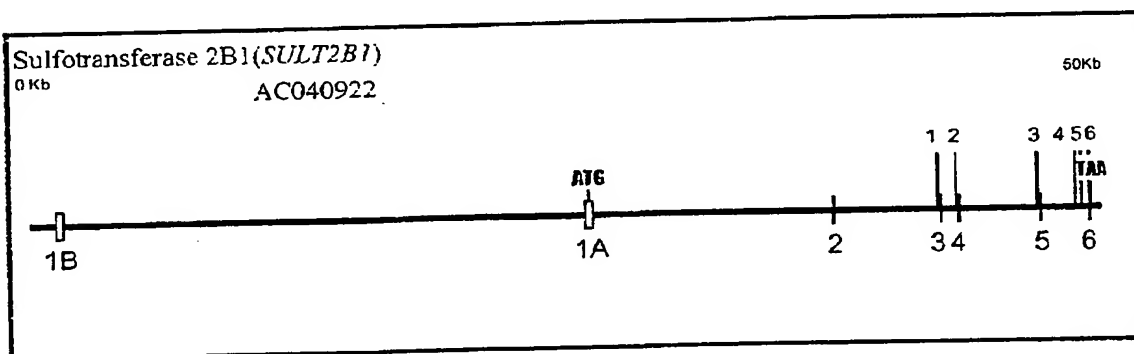


Fig. 37

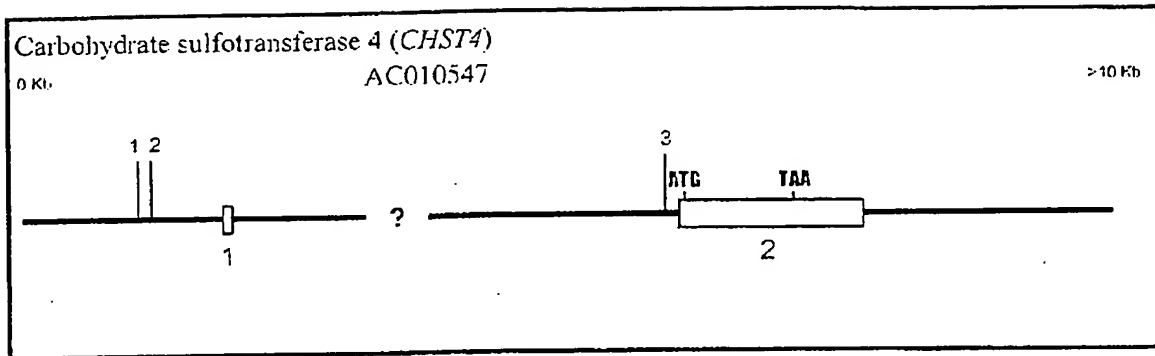


Fig. 38

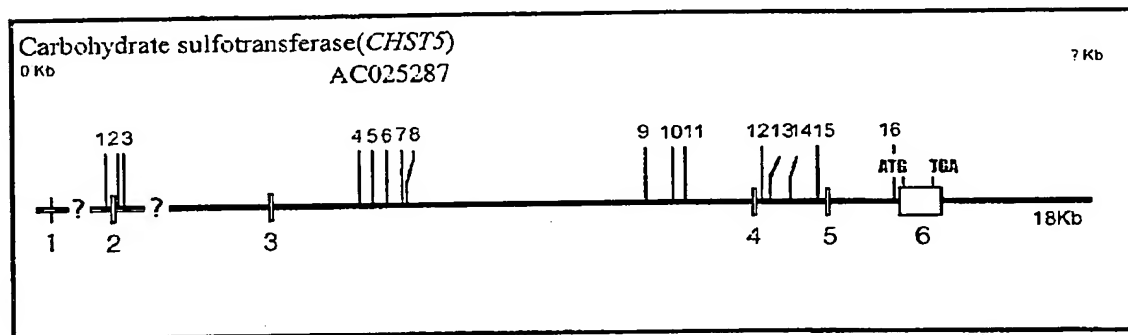


Fig. 39

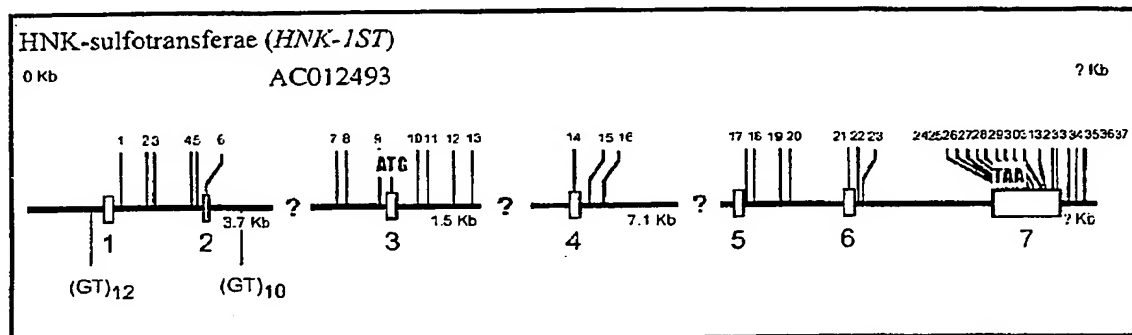


Fig. 40

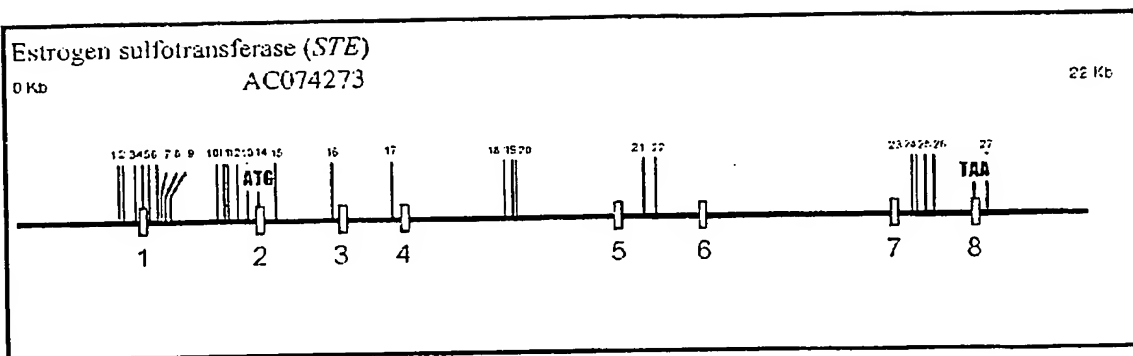


Fig. 41

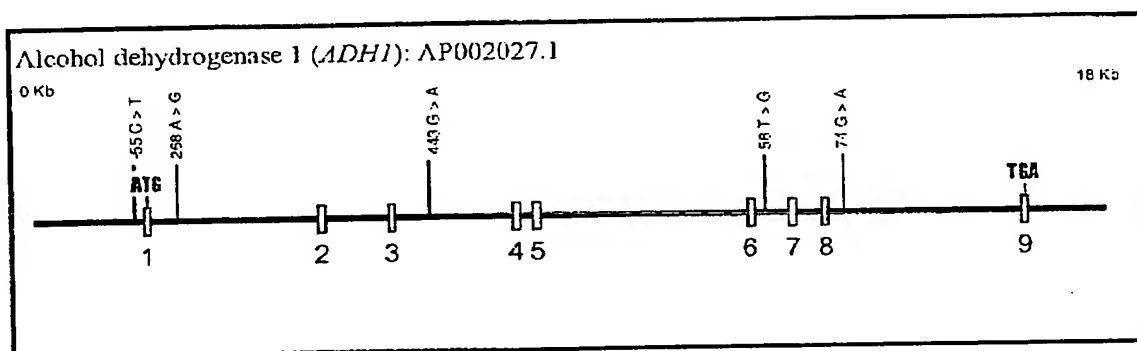


Fig. 42

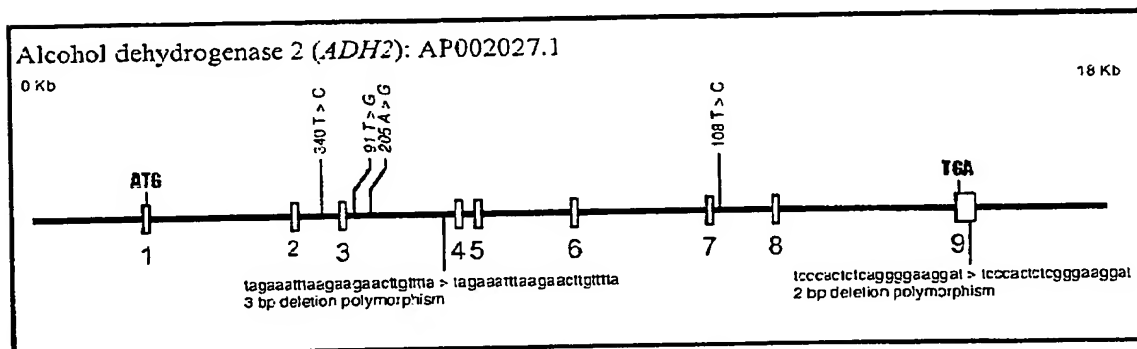


Fig. 43

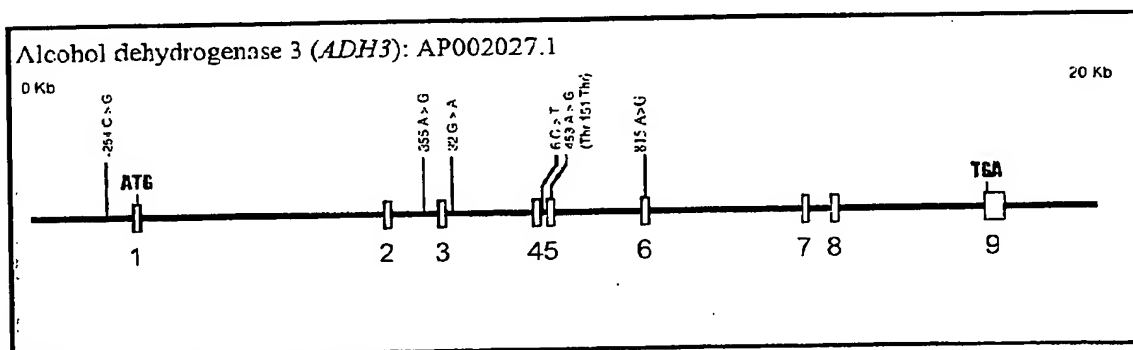


Fig. 44

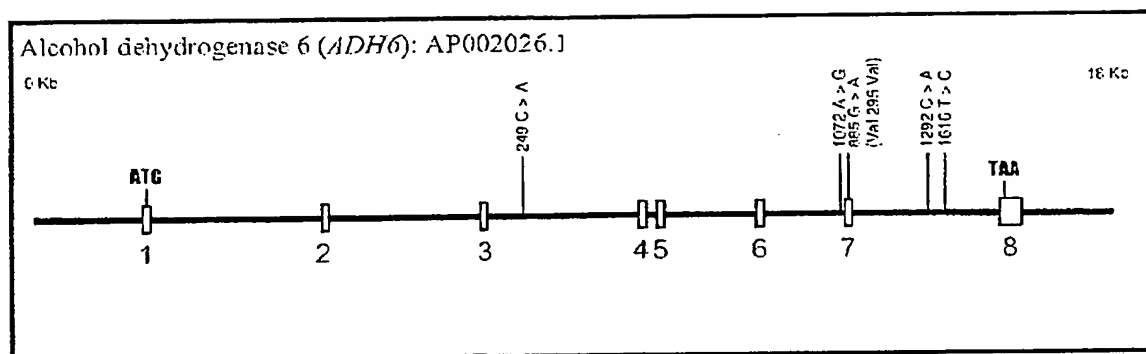


Fig. 45

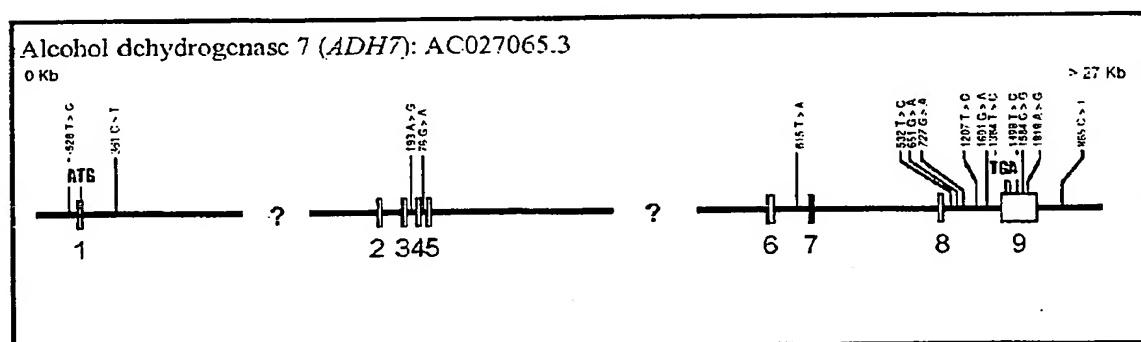


Fig. 46

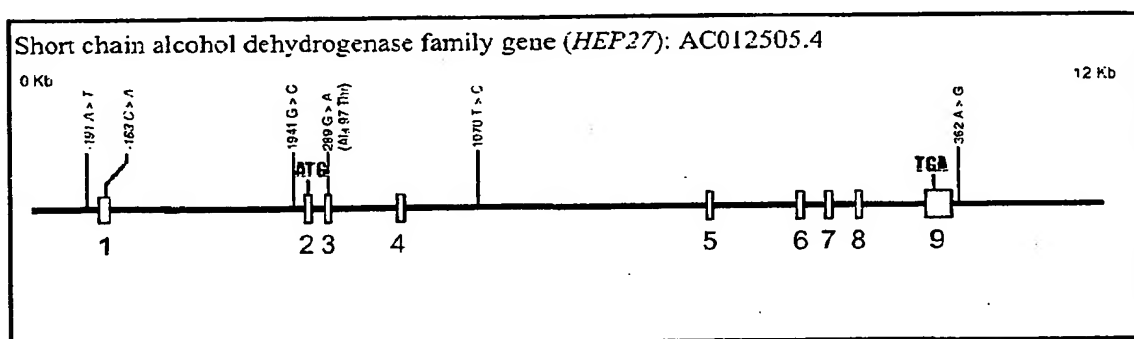
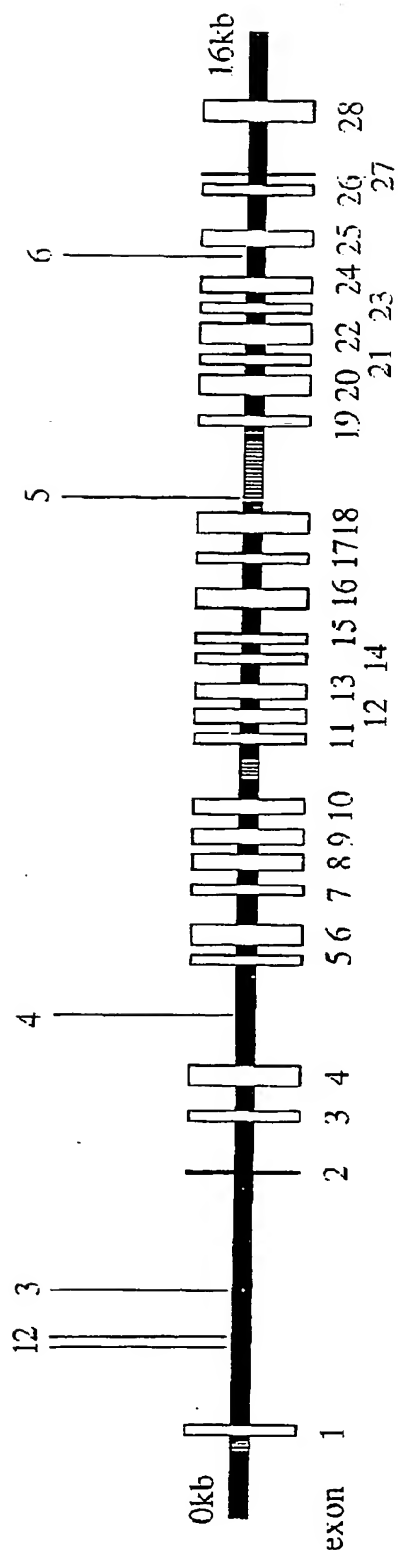


Fig. 47

L1 cell adhesion molecule (L1CAM)

Accession No. U52112



arylalkylamine N-acetyltransferase(AANAT)

Accession No. U40391

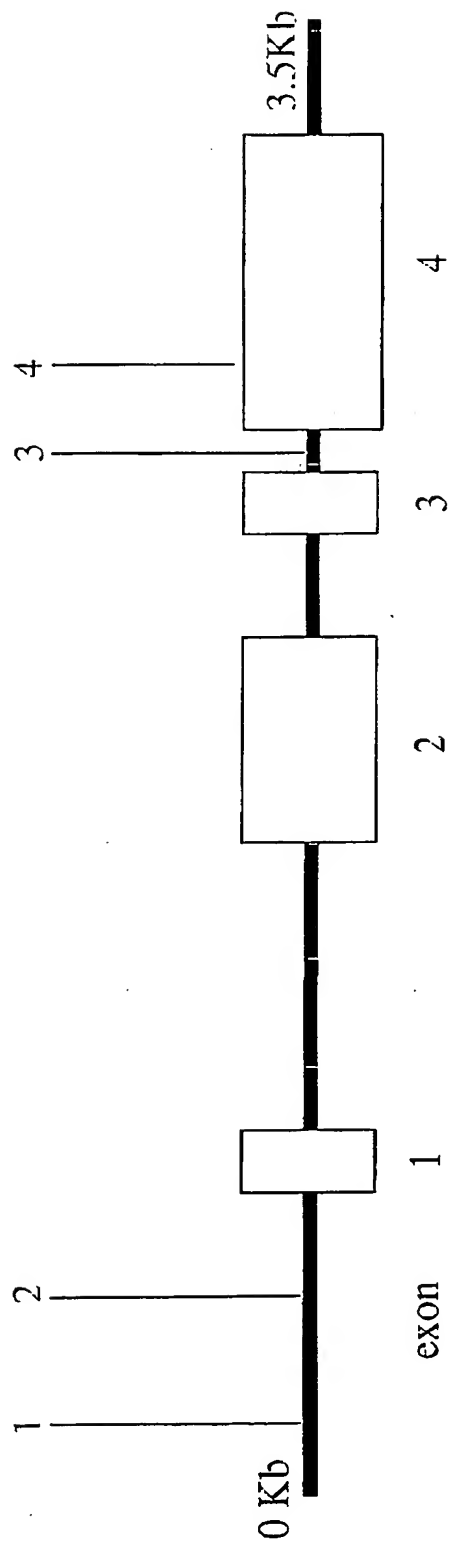


Fig. 48

N-acetyltransferase, homolog of *S. cerevisiae* (*ARD1*)

Accession No. U52112

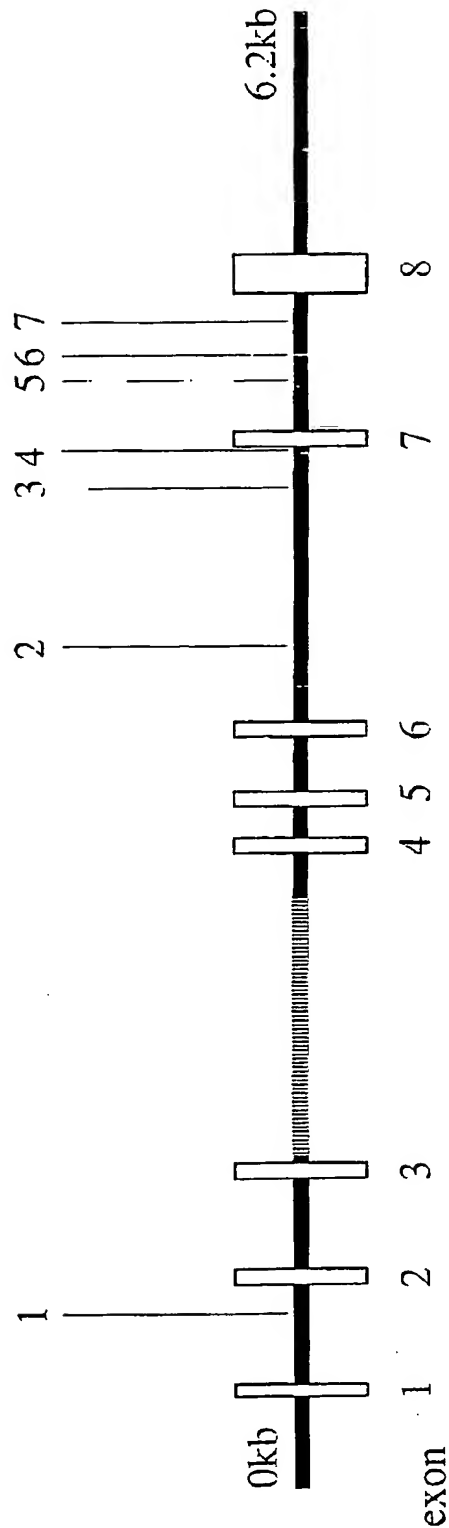


Fig. 49

Fig. 50

N-acetyltransferase (NAT1)

Accession No. X17059

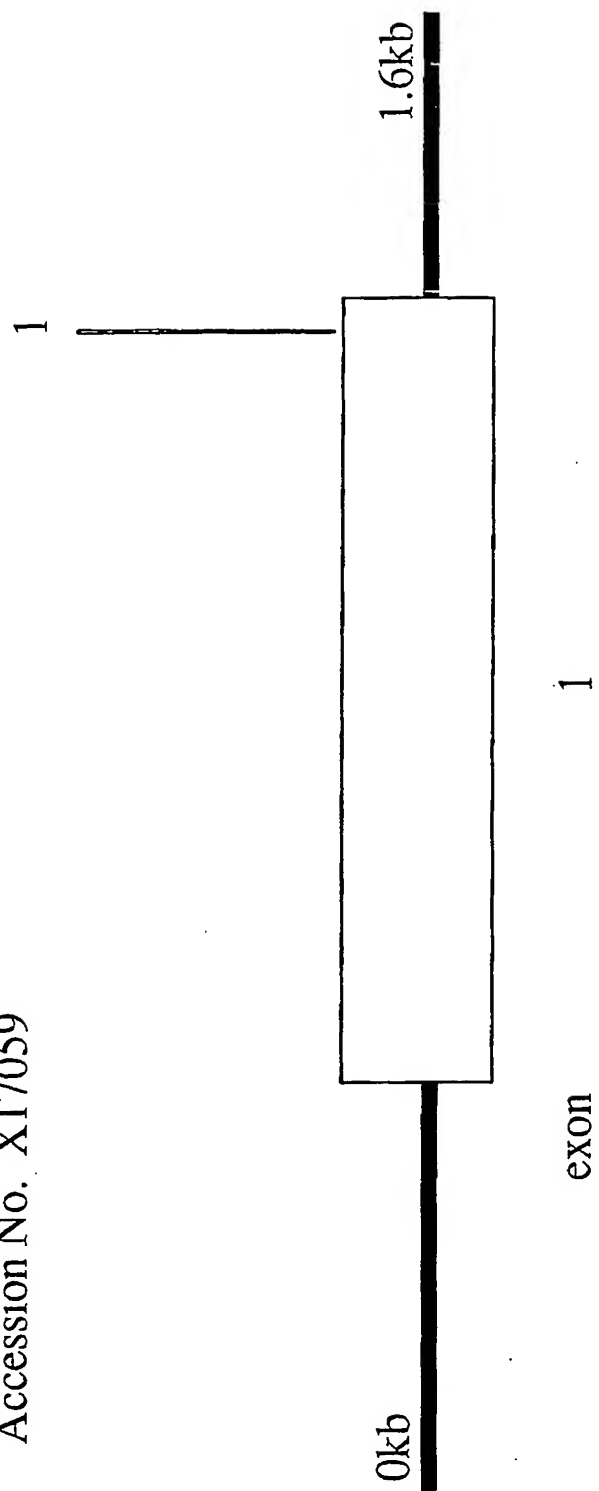
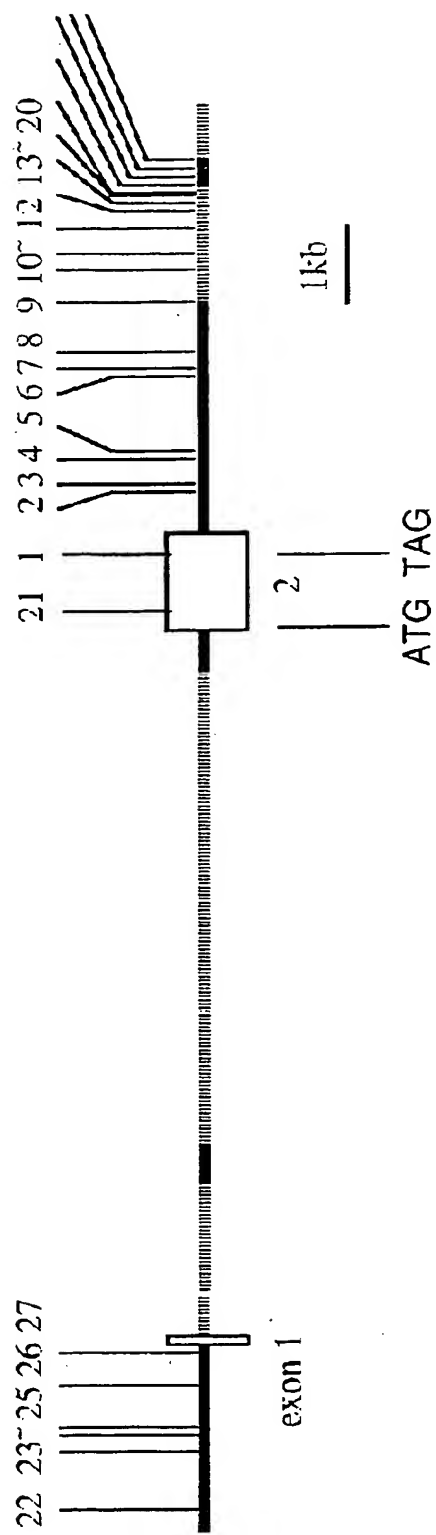


Fig. 51



Granzyme A(GZMA)

Accession No. AC025790

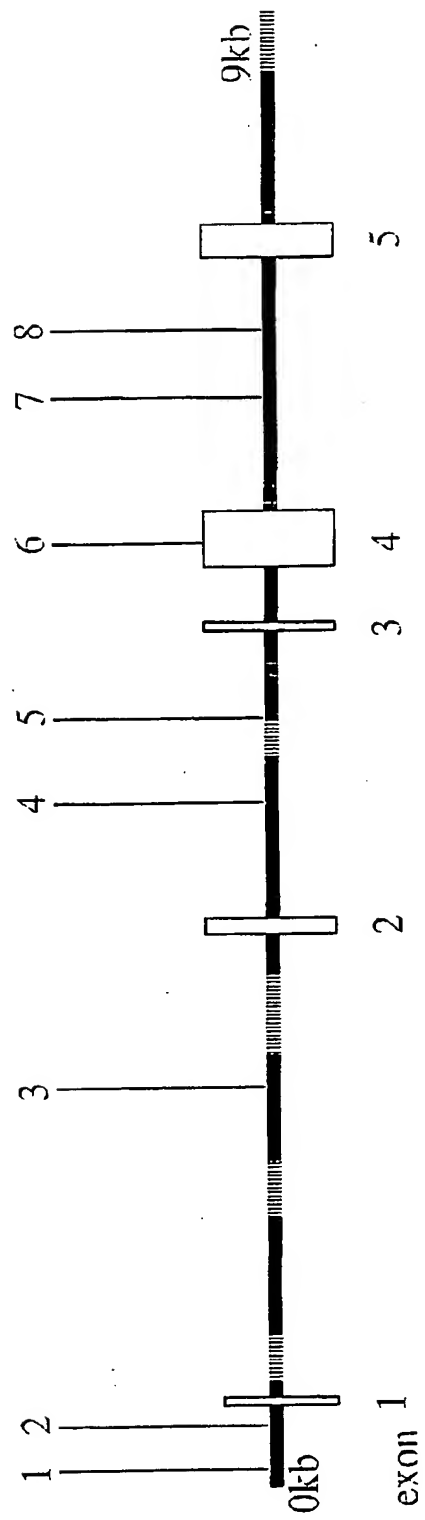
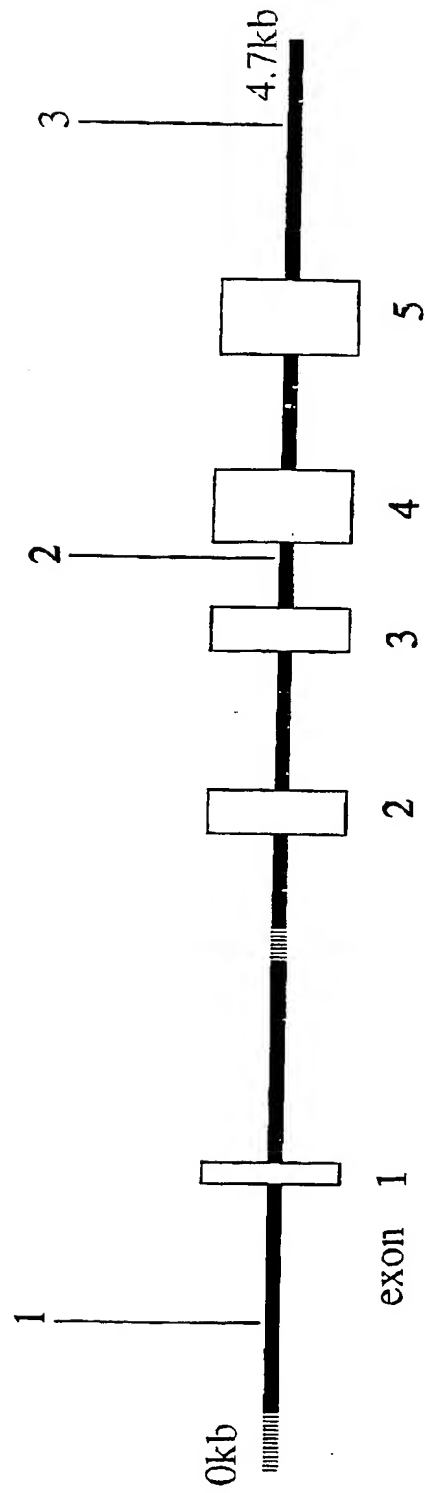


Fig. 52

Fig. 53

Granzyme B (GZMB)

Accession No. M72150



esterase *D*/formylglutathione hydrolase (*ESD*)

Accession No. AC136958

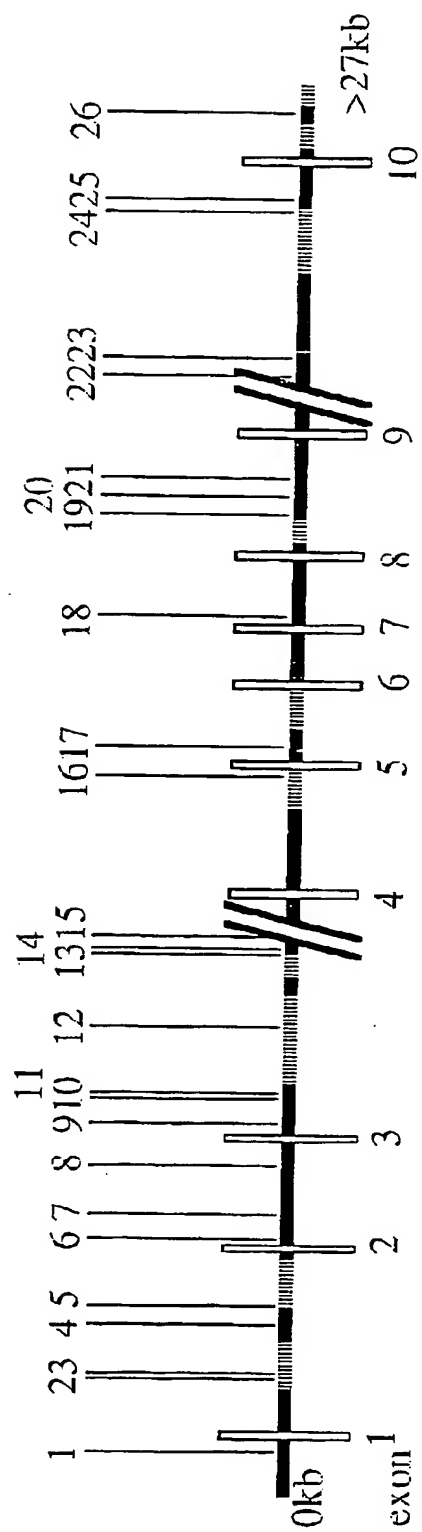
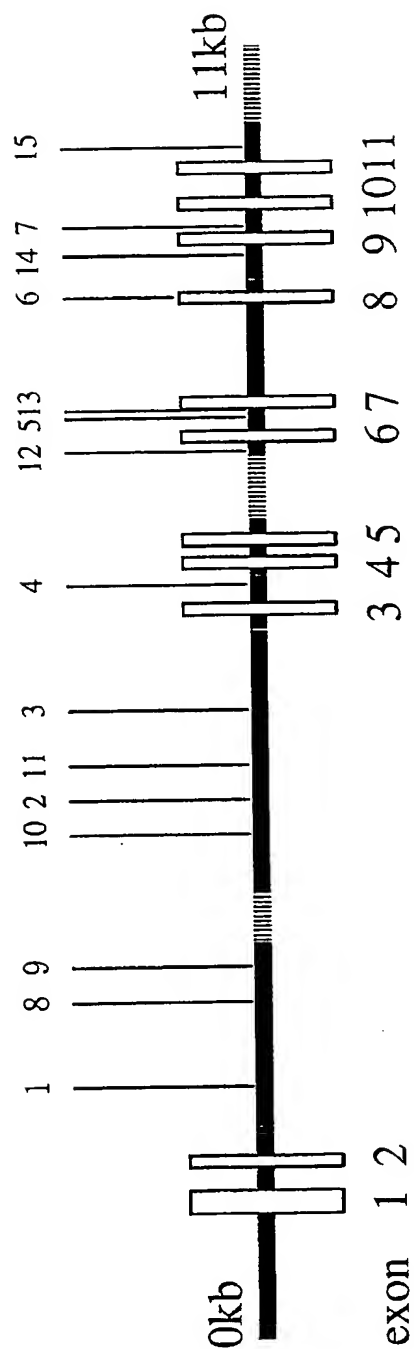


Fig. 54

Fig. 55

dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase (DDOST)

Accession No. D89060



microsomal glutathione s-transferase (MGST1)

Accession No. AC007528

Fig. 56

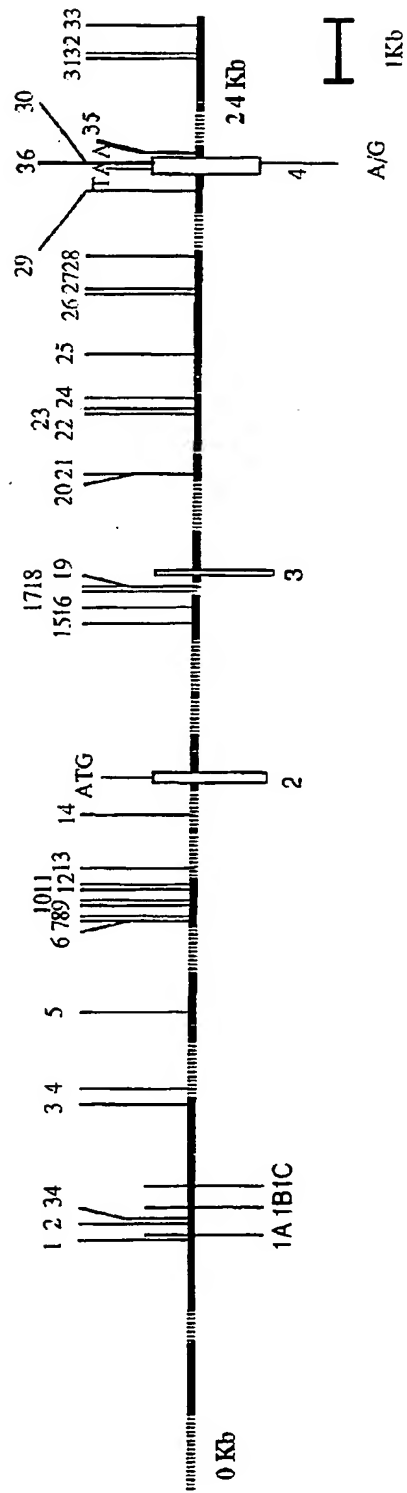


Fig. 57

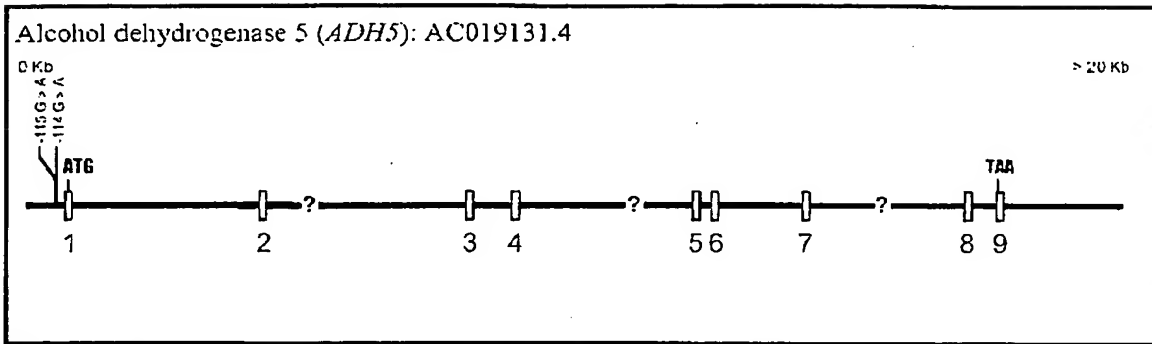


Fig. 58

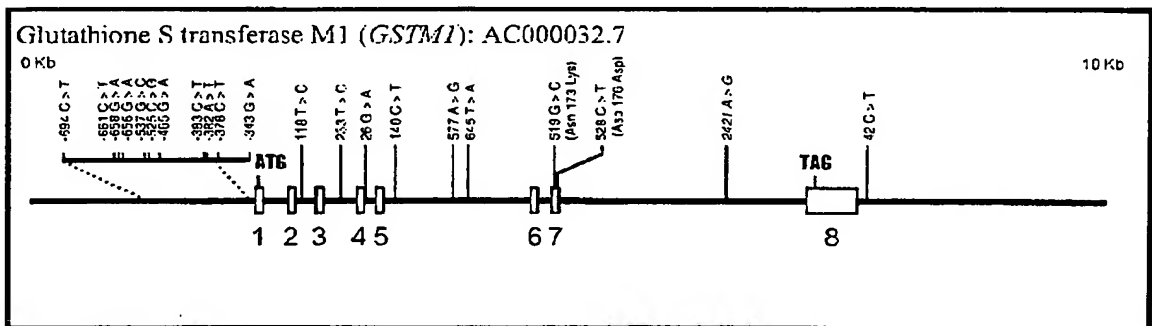


Fig. 59

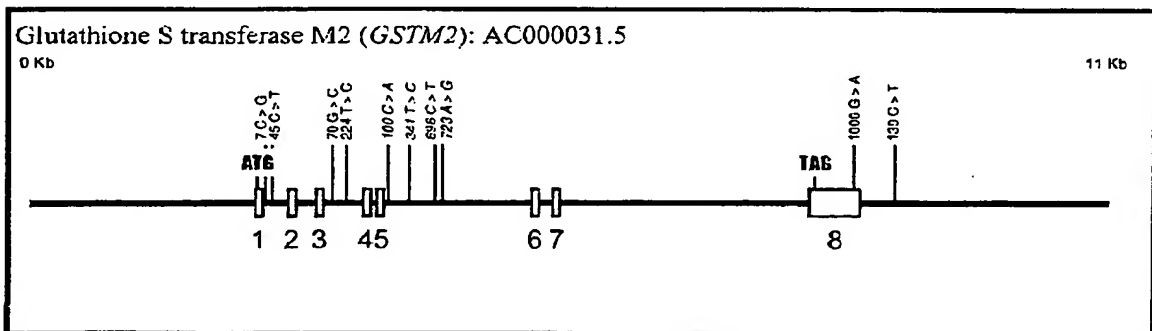


Fig. 60

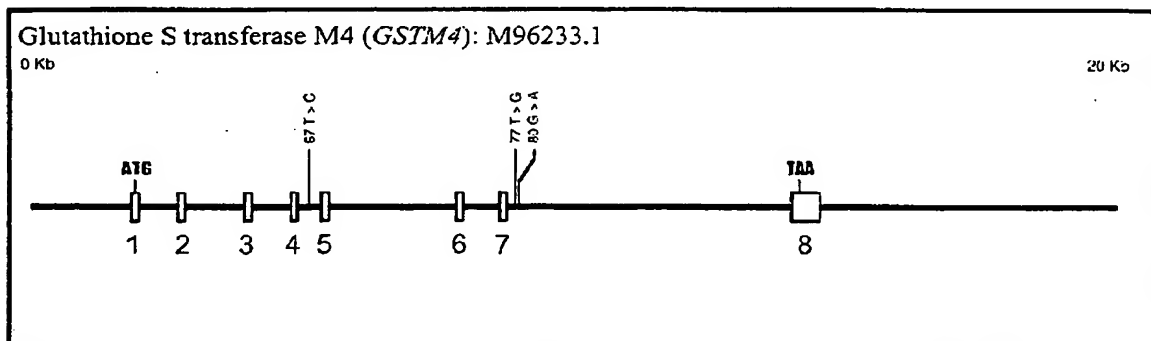


Fig. 61

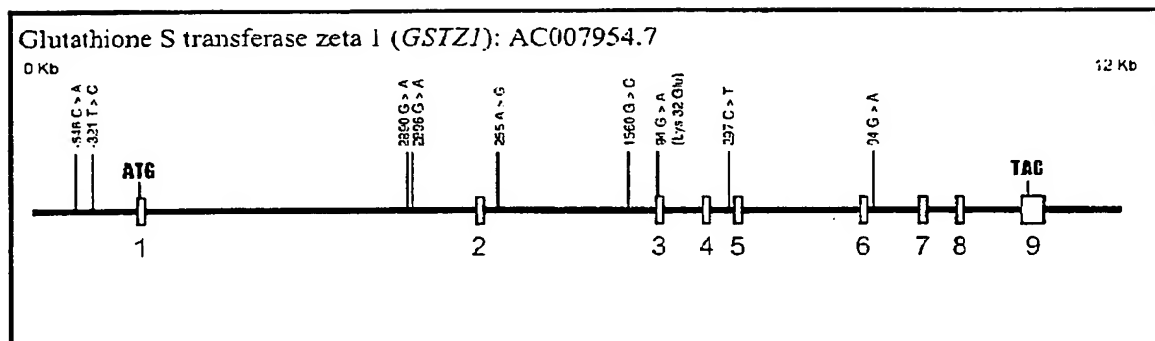


Fig. 62

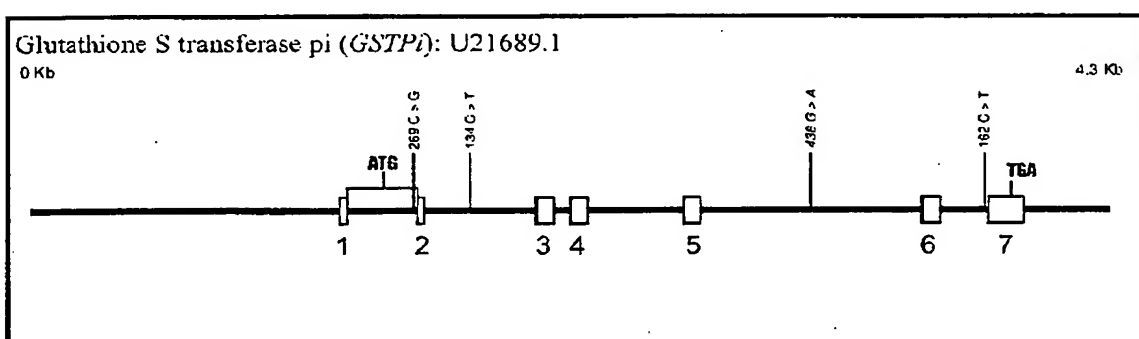


Fig. 63

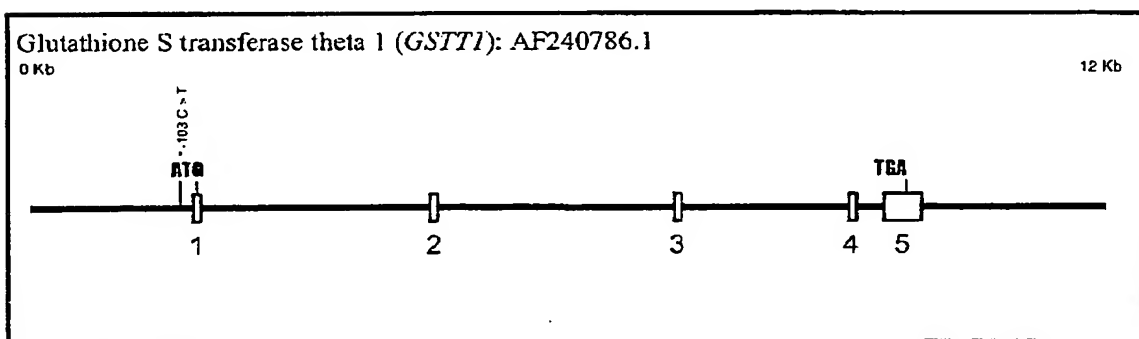


Fig. 64

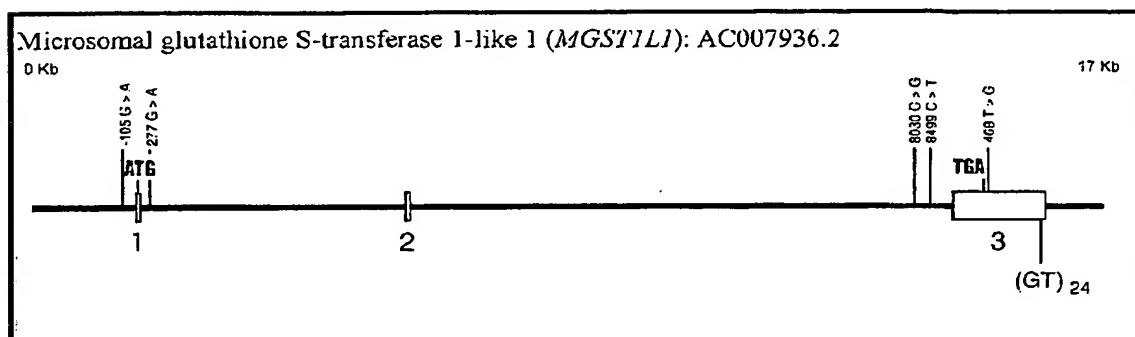


Fig. 65

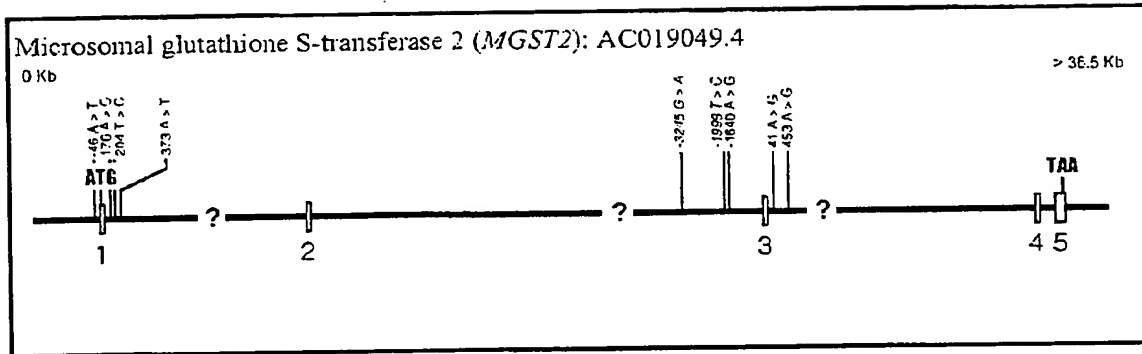


Fig. 66

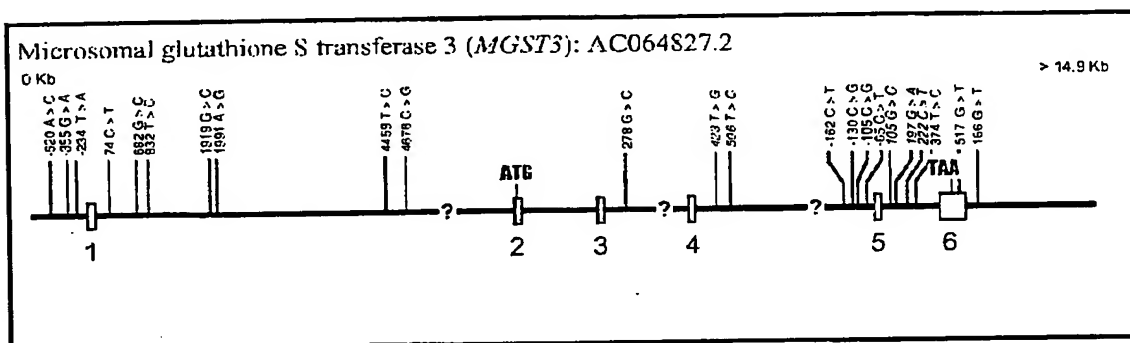


Fig. 67

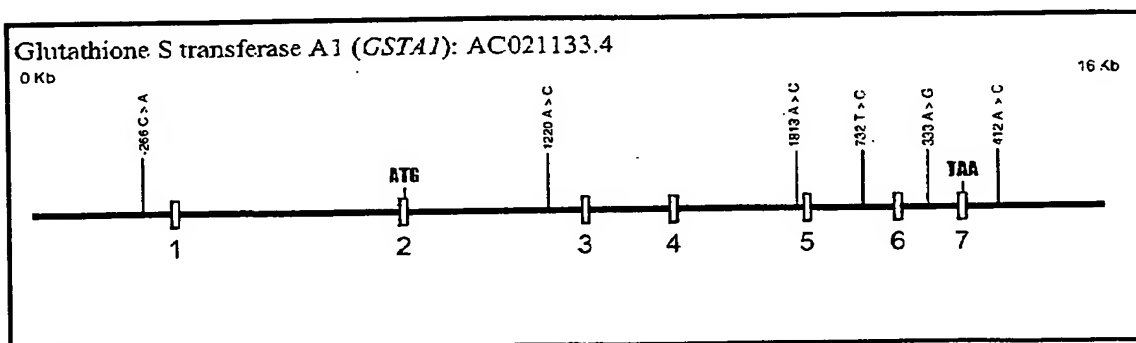


Fig. 68

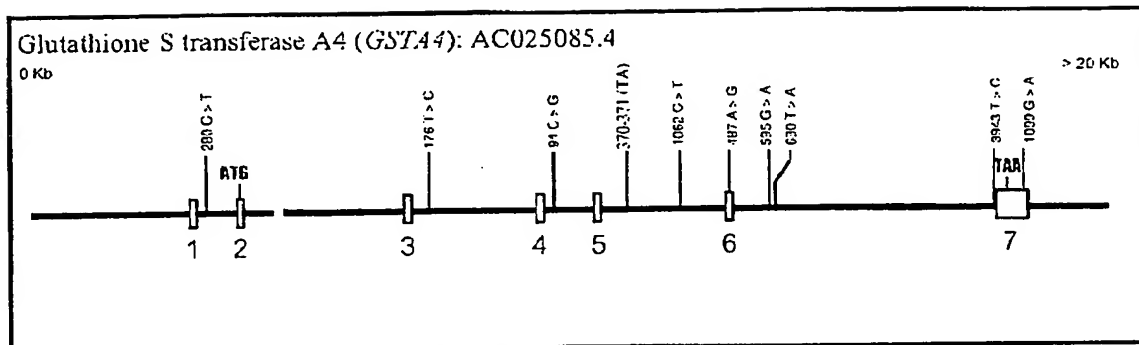


Fig. 69

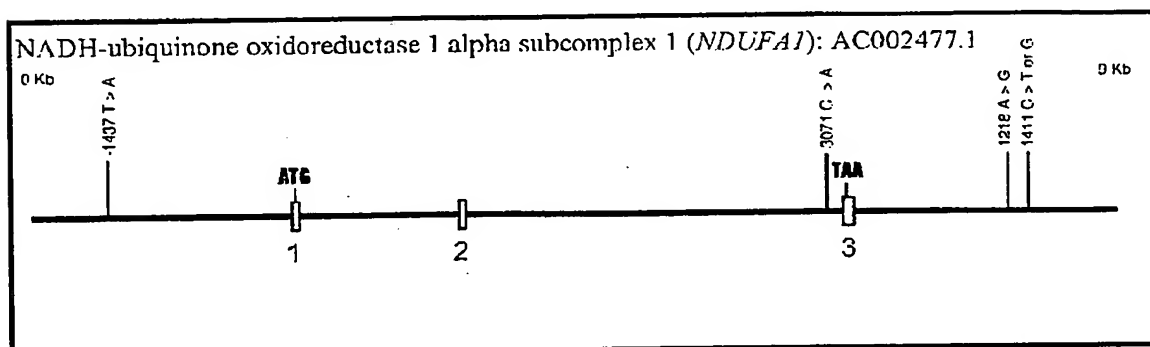


Fig. 70

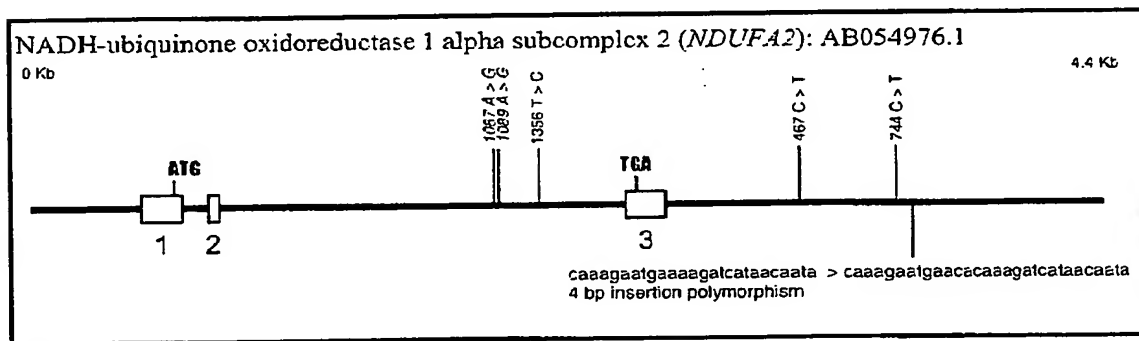


Fig. 71

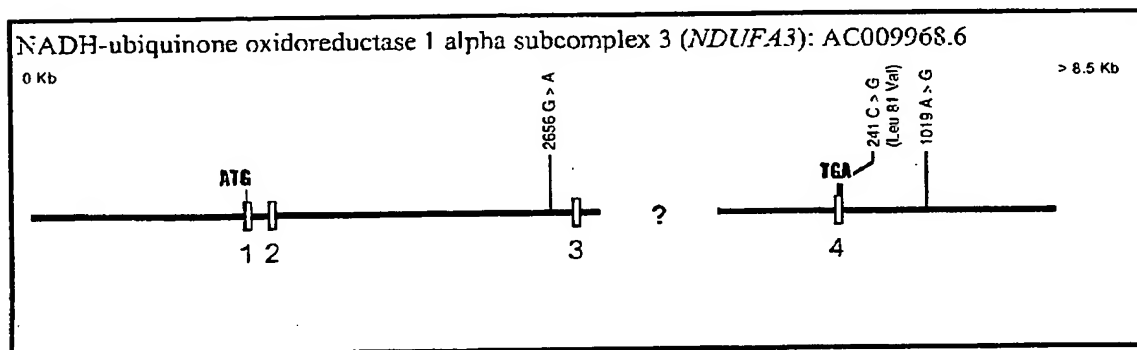


Fig. 72

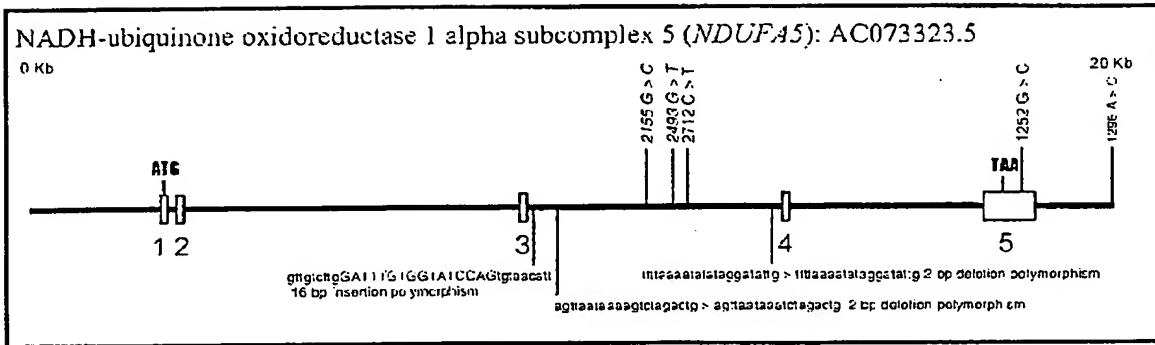


Fig. 73

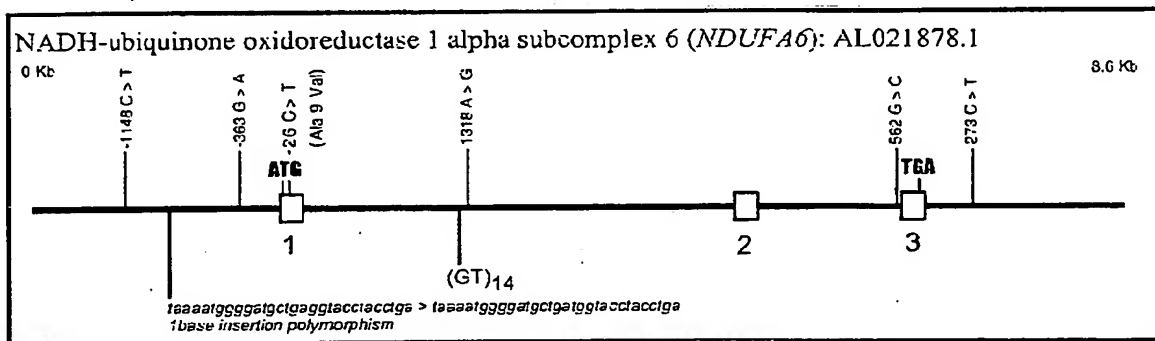


Fig. 74

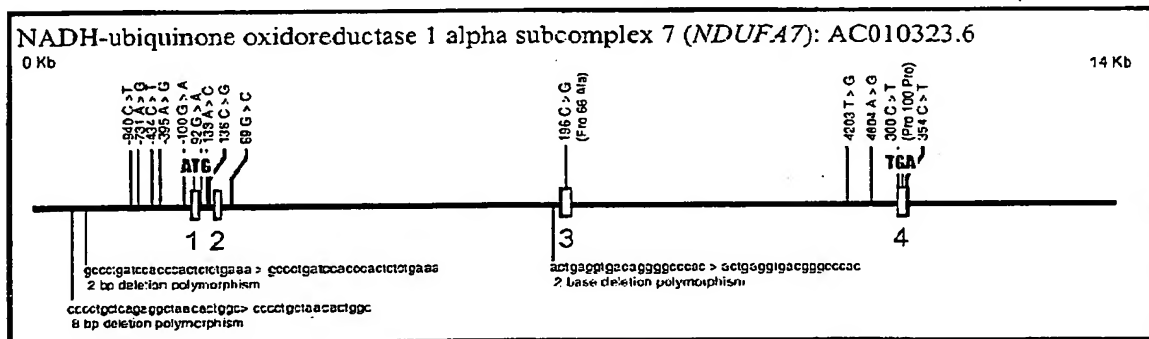


Fig. 75

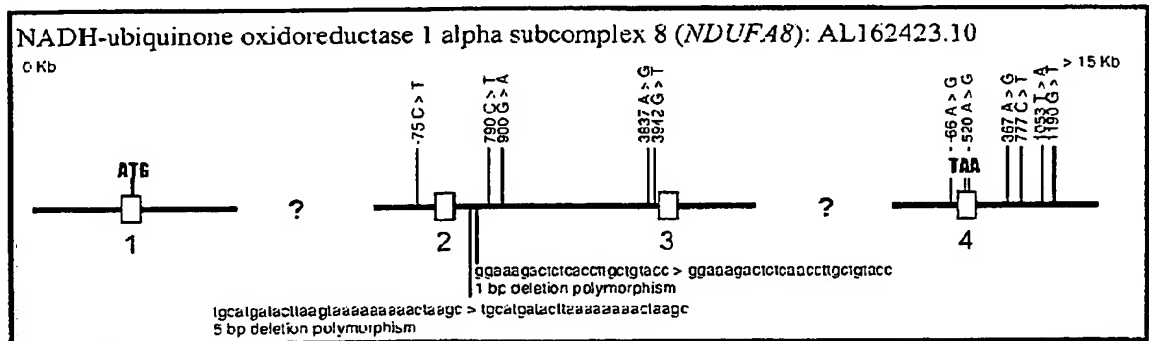


Fig. 84

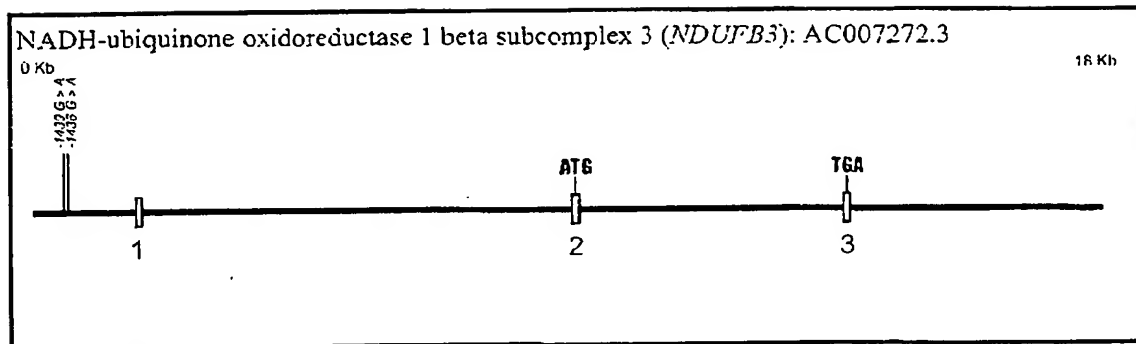


Fig. 85

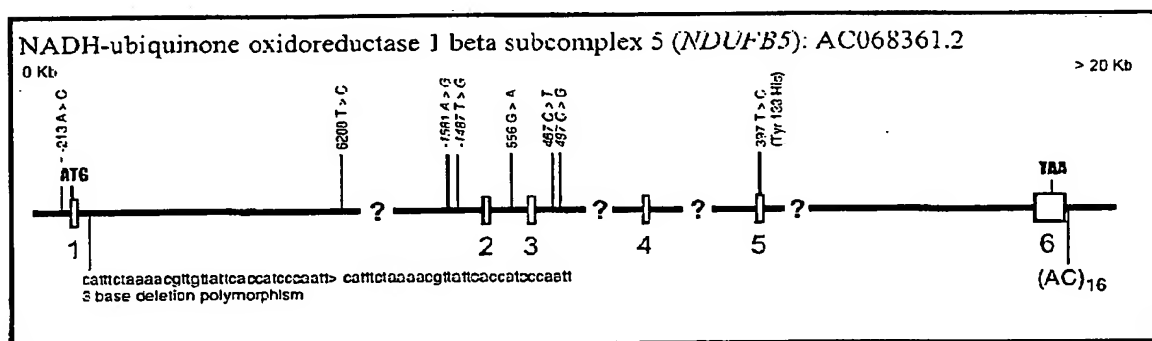
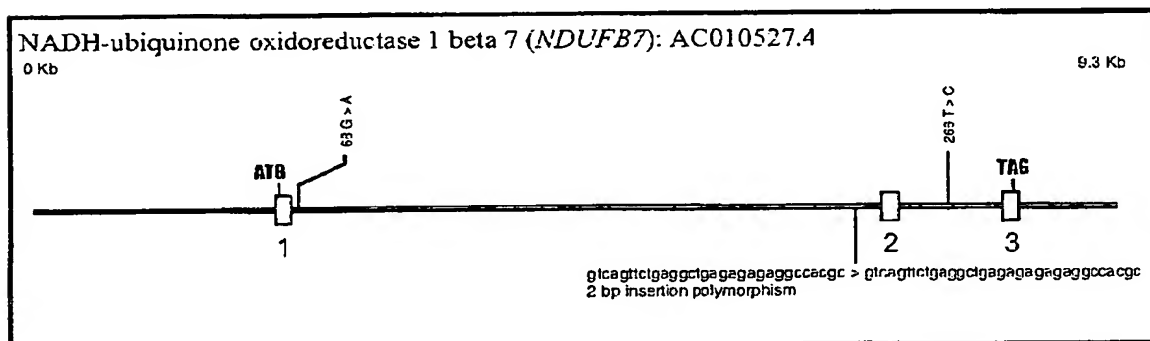


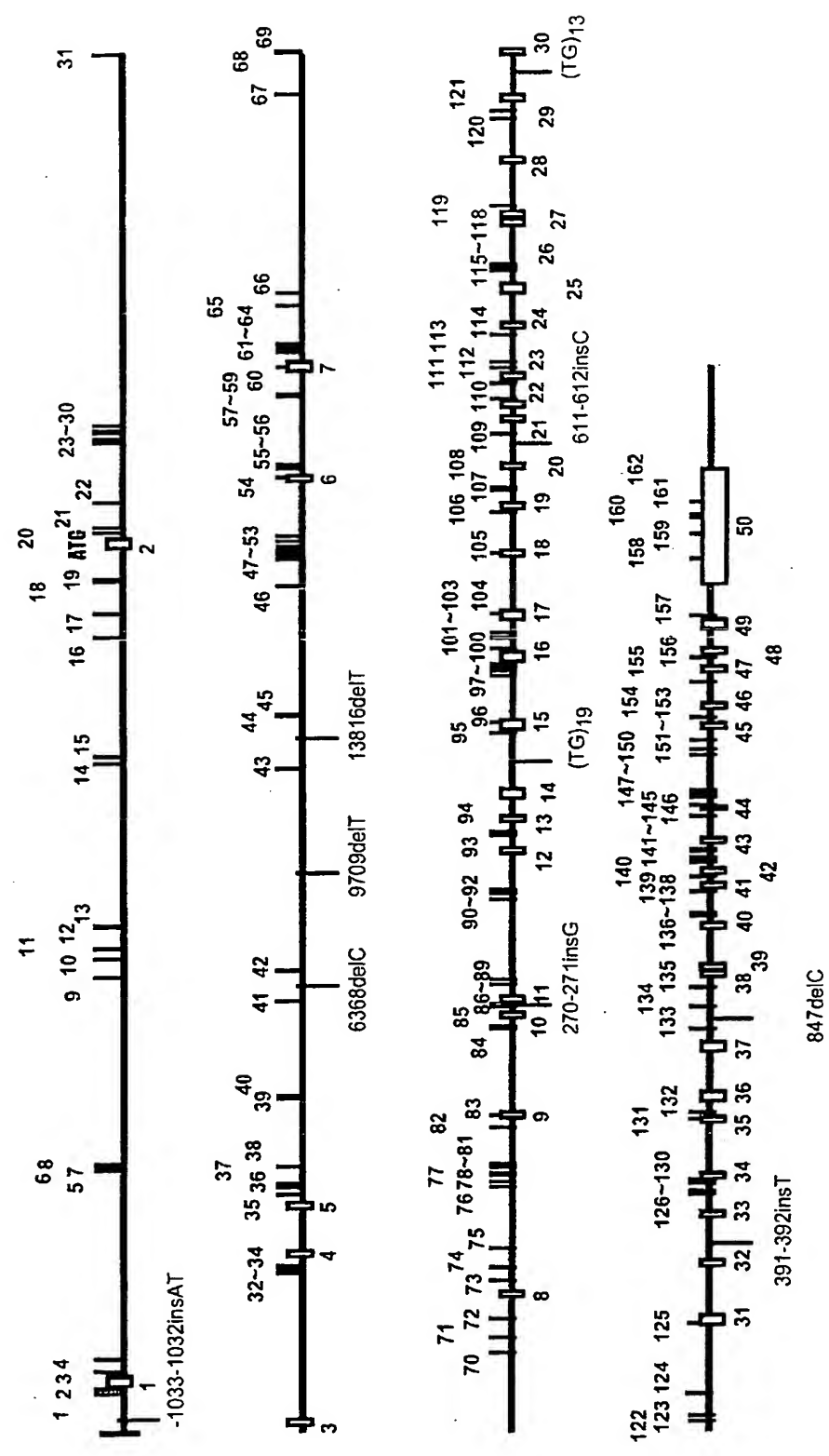
Fig. 86



SNPs

ABCA1 ACCESSION AF275948.1

Fig. 87



Catechol-O-methyltransferase (COMT)

ACCESSION AC000080

Fig. 88

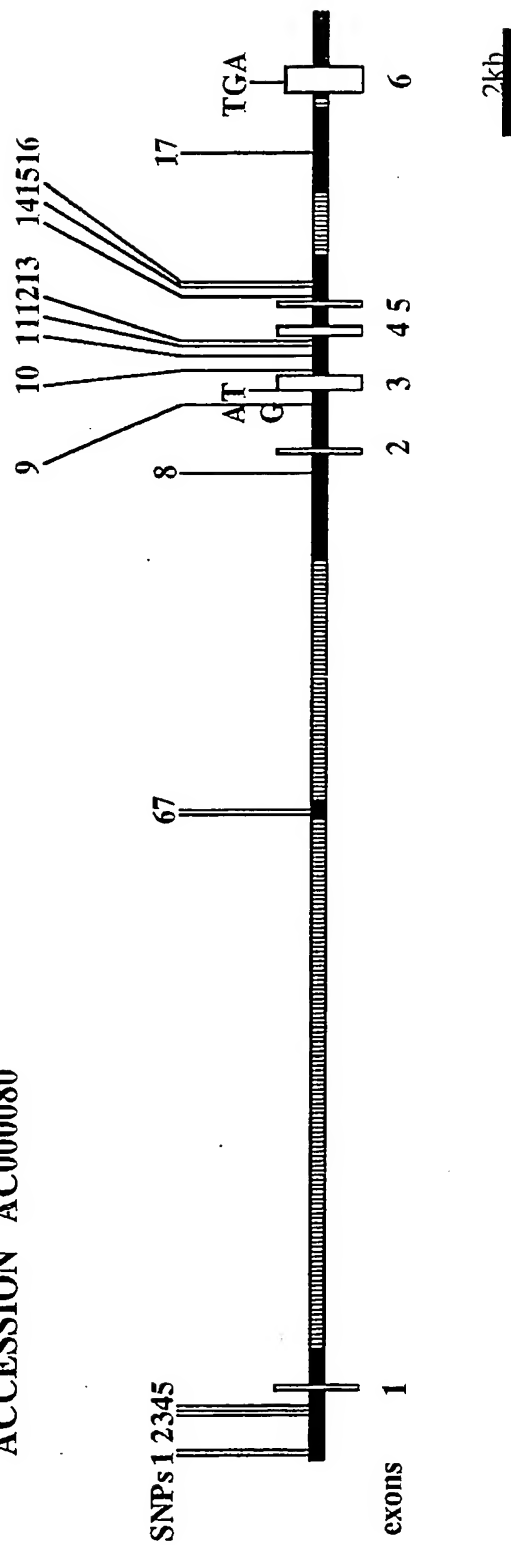


Fig. 89

Histamine N-methyltransferase (HNMT)

ACCESSION AC019304

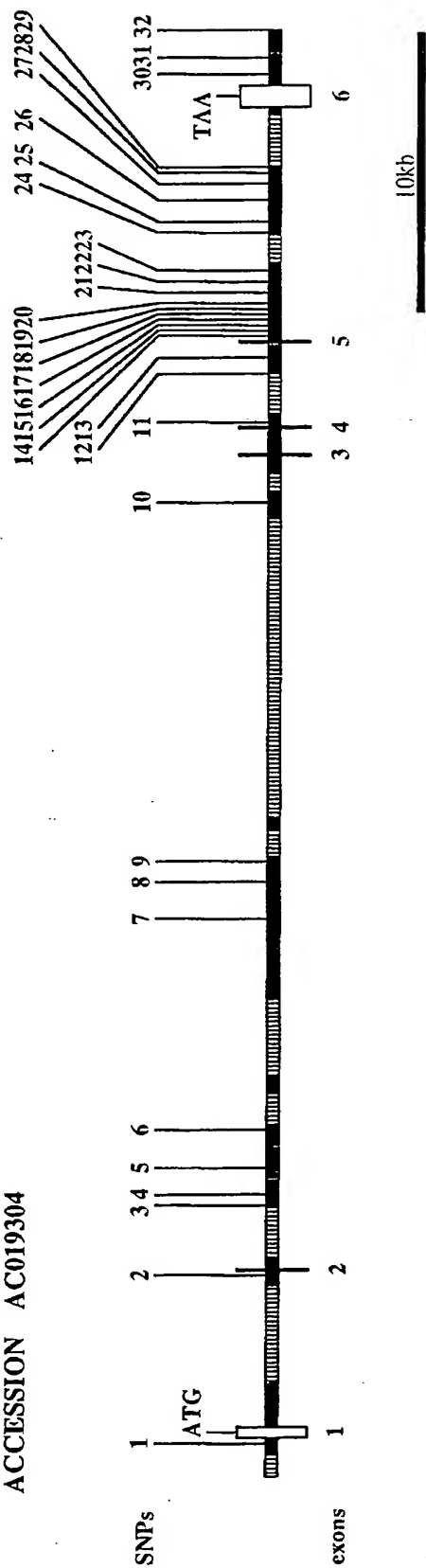


Fig. 90

Cytochrome P450, subfamily I, polypeptide I (CYP1A1)

ACCESSION X04300

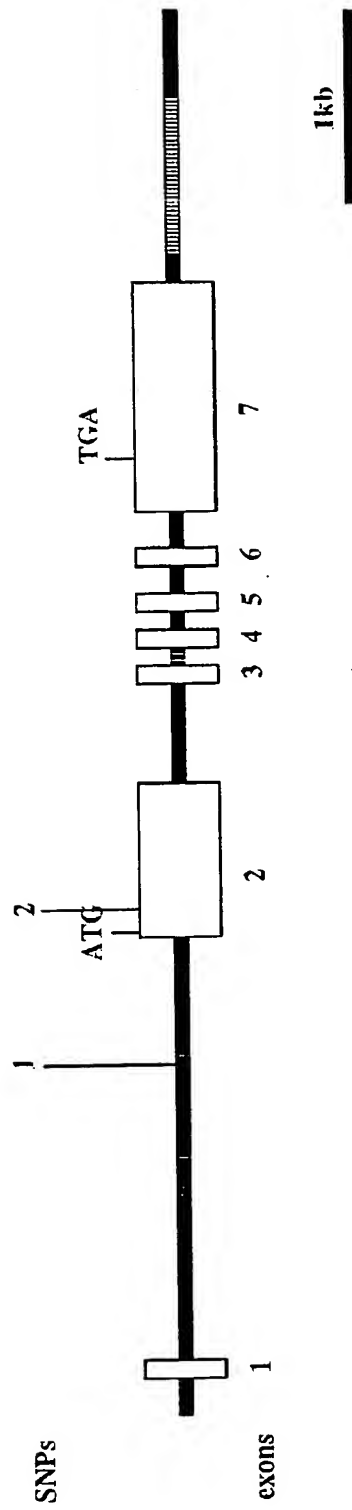


Fig. 91

Cytochrome P450, subfamily 1, polypeptide 2 (CYP1A2)

ACCESSION AC020705

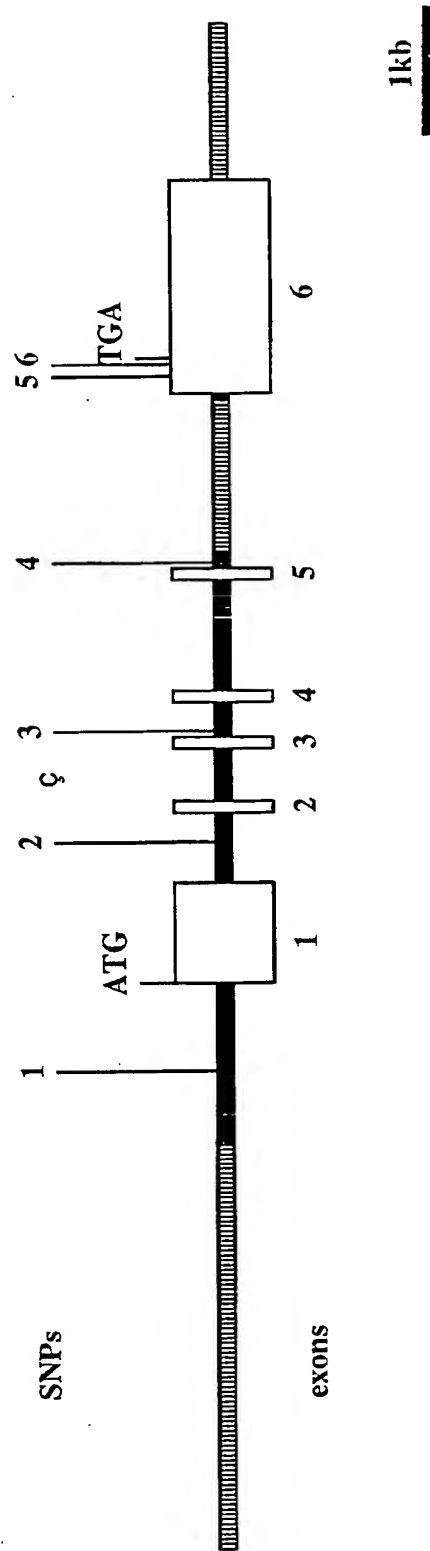


Fig. 92

Cytochrome P450, subfamily I, polypeptide 1 (CYP1B1)

ACCESSION AC009229

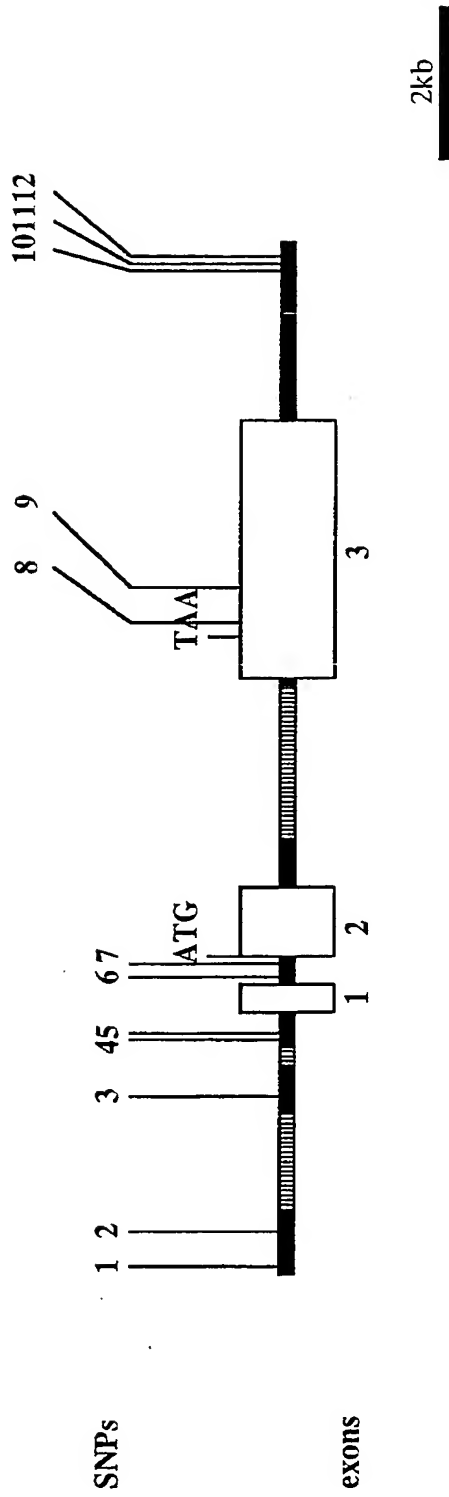


Fig. 93

arylacetamide deacetylase(AADA)

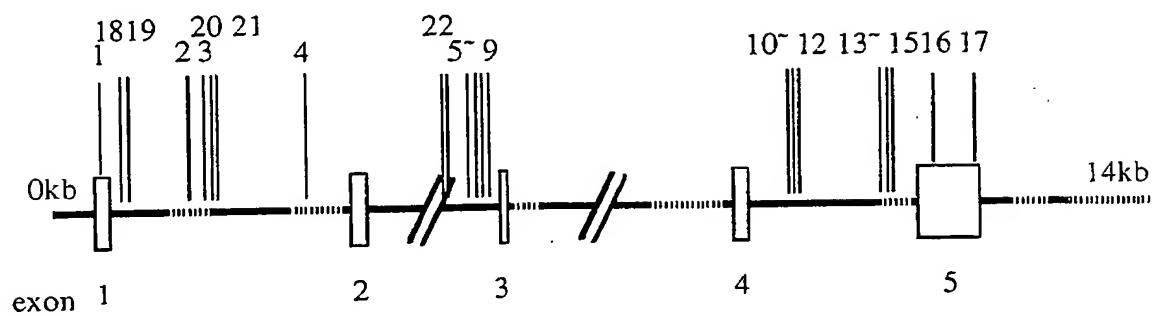


Fig. 94

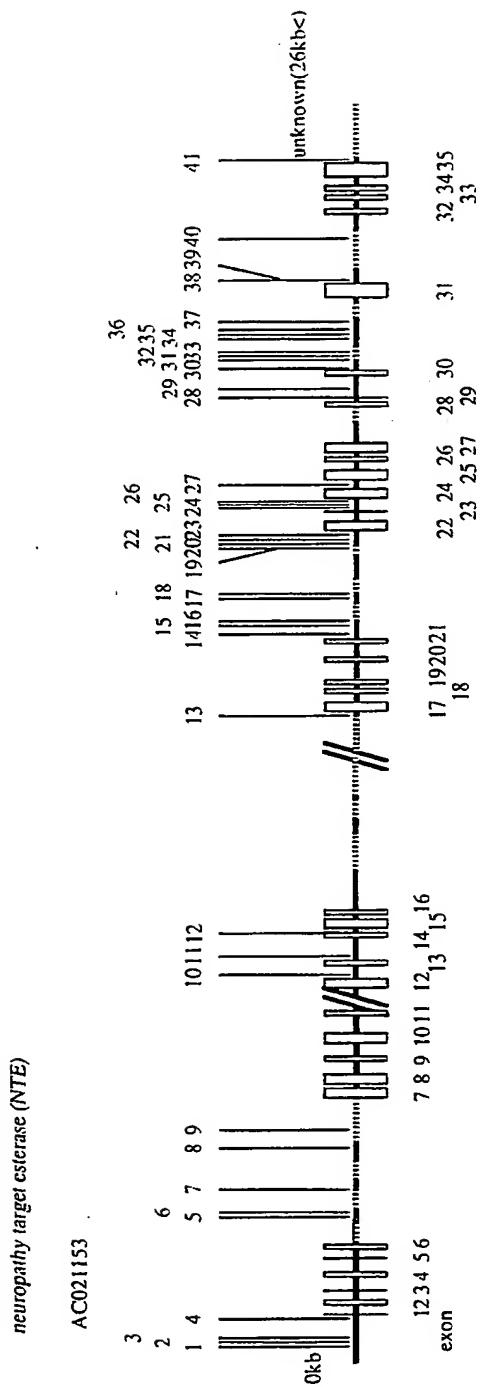


Fig. 95

ATP-binding Cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 2

AL392107.4

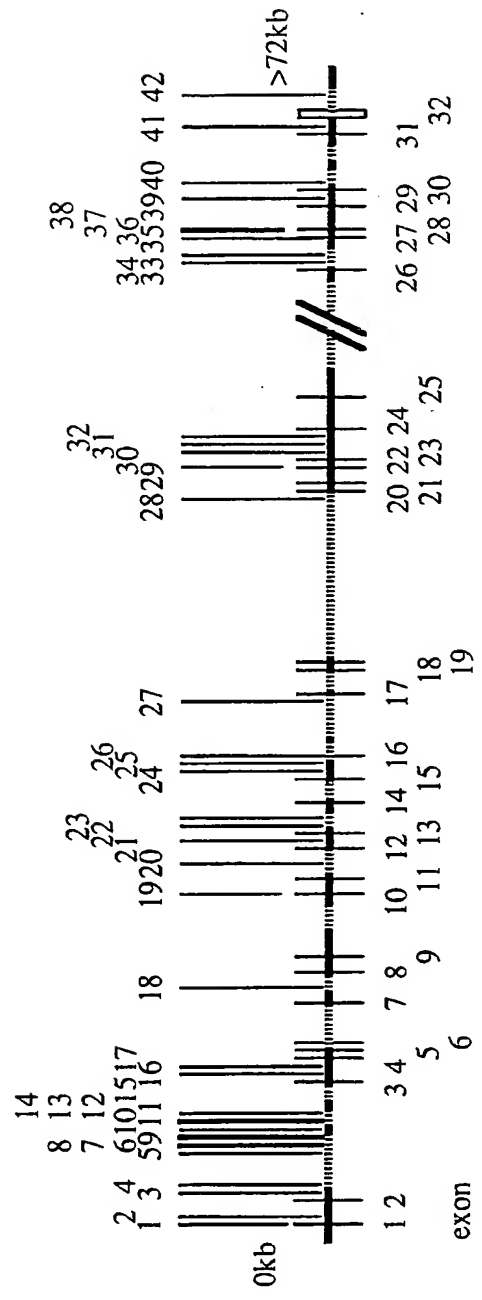
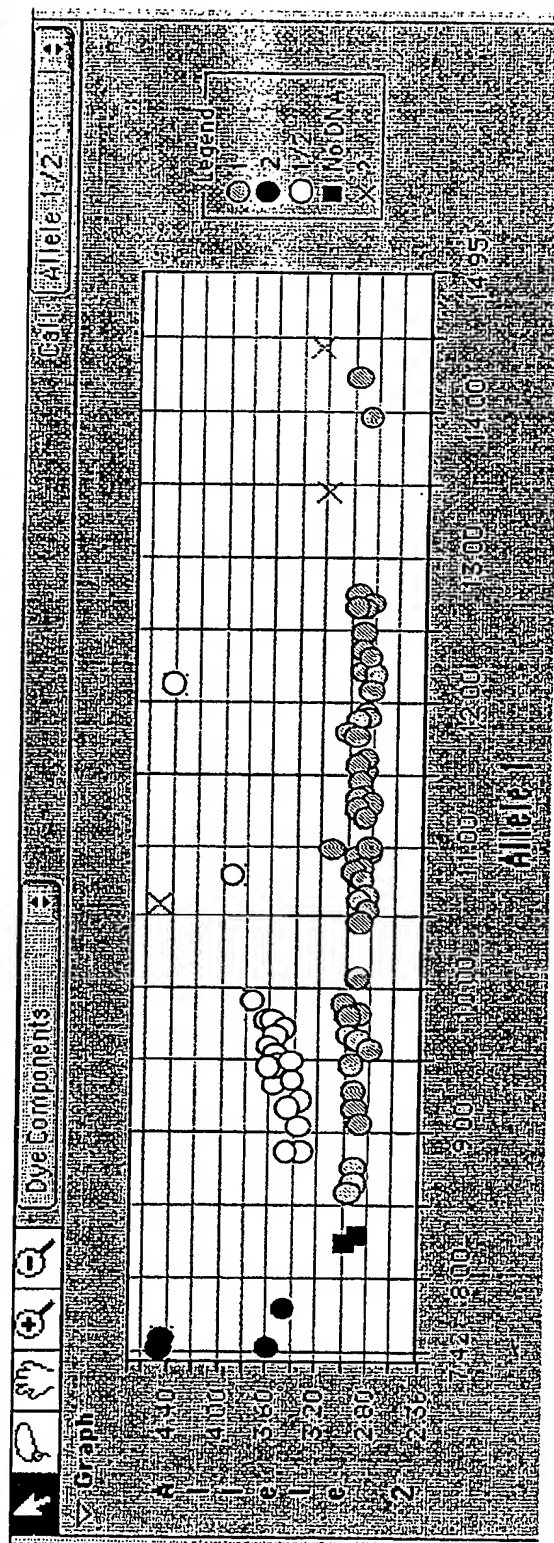
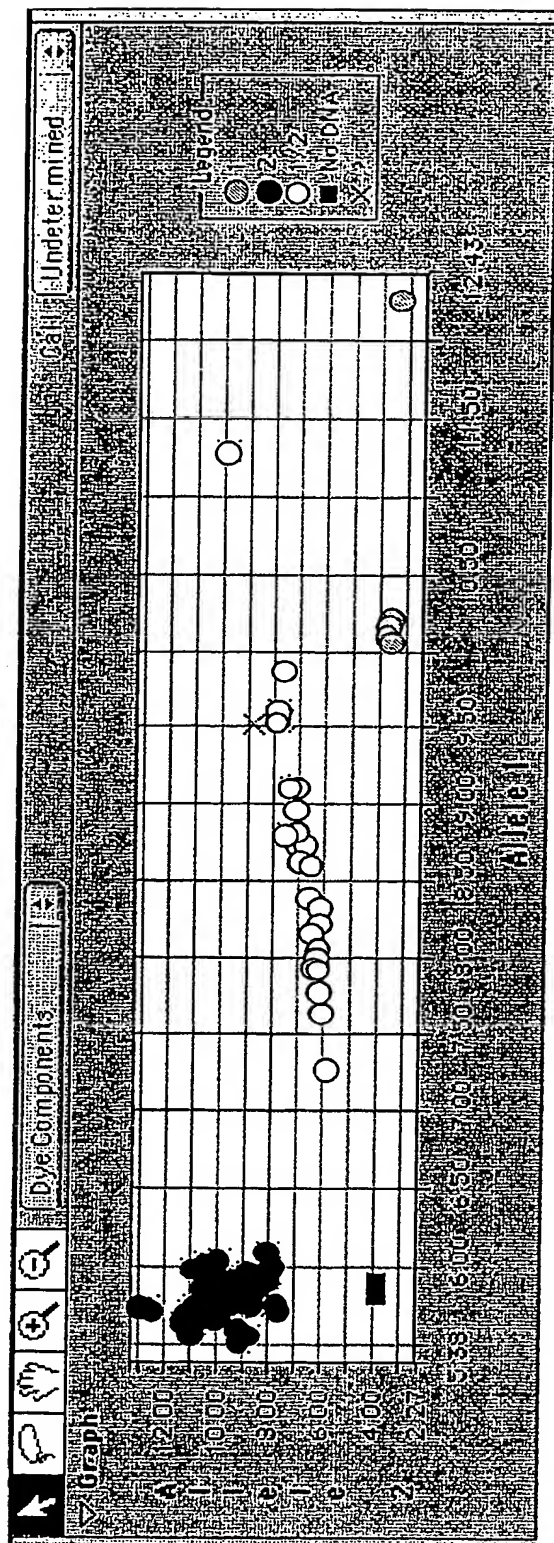


Fig. 96



【書類名】 特許願

【整理番号】 RJH12-147S

【提出日】 平成13年 5月 2日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 G01N 33/00

【発明の名称】 遺伝子多型の検出方法

【請求項の数】 16

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県横浜市青葉区あざみ野 1 - 1 7 - 3 3

 【氏名】 中村 祐輔

【発明者】

 【住所又は居所】 東京都国立市北 1 - 1 1 - 8

 【氏名】 関根 章博

【発明者】

 【住所又は居所】 神奈川県川崎市中原区田尻町 2 1

 【氏名】 飯田 有俊

【発明者】

 【住所又は居所】 東京都青梅市東青梅 5 - 1 0 - 6 河辺パークホームズ
1 0 8

 【氏名】 斎藤 督

【特許出願人】

 【識別番号】 000006792

 【氏名又は名称】 理化学研究所

【特許出願人】

 【識別番号】 500056758

 【氏名又は名称】 中村 祐輔

【特許出願人】

 【識別番号】 501002471

 【氏名又は名称】 関根 章博

【特許出願人】

【識別番号】 501002482

【氏名又は名称】 飯田 有俊

【特許出願人】

【識別番号】 501002493

【氏名又は名称】 斎藤 督

【代理人】

【識別番号】 100091096

【弁理士】

【氏名又は名称】 平木 祐輔

【選任した代理人】

【識別番号】 100096183

【弁理士】

【氏名又は名称】 石井 貞次

【先の出願に基づく優先権主張】

【出願番号】 特願2000-399443

【出願日】 平成12年12月27日

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 9503608

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 遺伝子多型の検出方法

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 薬物代謝酵素をコードする遺伝子中に存在する遺伝子多型情報から、該遺伝子多型部位を含むように、又は薬物代謝酵素をコードする遺伝子を増幅したときの増幅断片中に前記遺伝子多型部位が含まれるように、オリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーを作製し、得られるオリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、目的の薬物代謝酵素をコードする遺伝子中の少なくとも 1 個の遺伝子多型を検出することを特徴とする遺伝子多型の検出方法。

【請求項 2】 遺伝子多型部位を含むオリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーが、その 5' 末端若しくは 3' 末端又は中央の塩基が当該遺伝子多型部位となるように作製されたものである請求項 1 記載の検出方法。

【請求項 3】 遺伝子多型部位を含むオリゴヌクレオチドプローブが、薬物代謝酵素をコードする遺伝子とハイブリダイズし得る断片とハイブリダイズしない断片とが結合したものであって、前記遺伝子多型部位が、当該ハイブリダイズし得る断片の 5' 末端又は 3' 末端である請求項 1 記載の検出方法。

【請求項 4】 遺伝子多型部位を含むオリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーが、配列番号 1 ～ 1380 に示す塩基配列のうち第 21 番目の塩基を含む少なくとも 13 塩基の配列又はこれに相補的な配列を有するものからなる群から選択される少なくとも 1 つである請求項 1 ～ 3 のいずれかに記載の検出方法。

【請求項 5】 遺伝子多型が、一塩基多型、複数の塩基の欠失、置換若しくは挿入による多型、又は VNTR 若しくはマイクロサテライトによる多型である請求項 1 ～ 4 のいずれかに記載の検出方法。

【請求項 6】 請求項 1 ～ 5 のいずれかの方法により得られた検出結果から、当該薬物代謝酵素によって代謝される薬物の有効性及び安全性を評価することを特徴とする薬物の評価方法。

【請求項 7】 請求項 6 記載の評価方法により得られた評価を指標として、使用すべき薬物を選択することを特徴とする薬物のスクリーニング方法。

【請求項 8】 薬物代謝酵素をコードする遺伝子中に含まれる遺伝子多型情報と、被験者から採取した当該薬物代謝酵素をコードする遺伝子の遺伝子多型情報とを比較して、当該薬物代謝酵素によって代謝される薬物の有効性及び/又は安全性を解析し、得られる解析結果から使用すべき薬物を選択することを特徴とする薬物のスクリーニング方法。

【請求項 9】 遺伝子多型情報が表 1 に示されるものである請求項 1～8 のいずれかに記載の方法。

【請求項 10】 薬物代謝酵素が、エポキシドヒドロラーゼ、メチルトランスフェラーゼ、N-アセチルトランスフェラーゼ、スルホトランスフェラーゼ、キノンオキシドレダクターゼ、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ、UDP-グリコシルトランスフェラーゼ、アルデヒドデヒドロゲナーゼ、アルコールデヒドロゲナーゼ、エステラーゼ、NDUF、チトクローム p450 (CYP) 及び ATP-結合カセットからなる群から選択される少なくとも 1 つである請求項 1～9 のいずれかに記載の方法。

【請求項 11】 配列番号 1～1380 に示される塩基配列又はこれに相補的な塩基配列からなる群から選択されるオリゴヌクレオチド。

【請求項 12】 薬物代謝酵素をコードする遺伝子中に存在する遺伝子多型情報から、該遺伝子多型部位を含むように作製されたオリゴヌクレオチド。

【請求項 13】 オリゴヌクレオチドの 5' 末端若しくは 3' 末端又は中央の塩基が、当該遺伝子多型部位となるように作製されたものである請求項 12 記載のオリゴヌクレオチド。

【請求項 14】 遺伝子多型部位を含むオリゴヌクレオチドが、薬物代謝酵素をコードする遺伝子とハイブリダイズし得る断片とハイブリダイズしない断片とが結合したものであって、前記遺伝子多型部位が、当該ハイブリダイズし得る断片の 5' 末端又は 3' 末端である請求項 12 記載のオリゴヌクレオチド。

【請求項 15】 オリゴヌクレオチドが、配列番号 1～1380 に示すいずれかの塩基配列のうち第 21 番目の塩基を含む少なくとも 13 塩基の配列又はこれに相補

的な配列を有するものである請求項12～14のいずれかに記載のオリゴヌクレオチド。

【請求項 1 6】 請求項11～15のいずれかに記載のオリゴヌクレオチドを含む遺伝子多型検出用キット。

【発明の詳細な説明】

【 0 0 0 1】

【発明の属する技術分野】

本発明は、遺伝子多型情報、遺伝子多型情報の検出方法、遺伝子多型を用いた薬物の評価方法、及び薬物のスクリーニング方法に関する。

【 0 0 0 2】

【従来の技術】

ヒトの姿形が千差万別であるように、30億からなる遺伝暗号も個人間で比較するとかなり多くの部位で異なっている。この遺伝暗号の違いを遺伝子多型（ポリモルフィズム）と呼んでおり、代表的な遺伝子多型として一塩基多型が知られている。

【 0 0 0 3】

一塩基多型（SNP:single nucleotide polymorphism）とは、個人間における 1 遺伝暗号の違いを意味する。ヒトの顔貌や体型が千差万別であるように、遺伝暗号である塩基配列も一人ひとりかなり多くの部位で異なっている。SNPは、その存在する位置によってcSNP(coding SNP)とgSNP(genome SNP)に分類され、cSNPには、さらにsSNP(silent SNP)、rSNP(regulatory SNP)及びiSNP(intron SNP)が含まれる。

【 0 0 0 4】

上記SNPは、多型マーカーとしての疾患の発症や増悪に関連する遺伝子を見つけるために有用であり、最終的に臨床分野において疾患のリスク診断や薬剤の使い分けなどに直接関係する。また、疾患の原因となっている物質を標的分子とした証拠に基づく薬剤開発は、世界的趨勢となっている。ある疾患に対して薬剤を投与した場合、患者の応答性は様々であり、著効を示すもの、有効性の低いもの、全く効果を示さないもののよう、薬剤に対する応答性には大きな違いがある

。これは、症状が同じで同じ診断名であっても、その背景となっている疾患を起こしている経路が異なっていたり、あるいは薬剤の代謝速度が大きく異なっている可能性があるからである。従って、SNPなど遺伝子多型を参考にしながら、目的の疾患に応じた薬物の選択、治療法の開発（いわゆるオーダーメイド医療）が望まれる。

【0005】

薬剤に対する応答性に加えて、時には致命的となるような強い副作用の問題も、医療従事者が対処していかなければならない大きな問題の一つである。これは、処方ミスなどによる過剰投与がなくても、時には思わぬ致命的な副作用に遭遇することがある。従って、薬剤の応答性に対しては、薬剤の代謝、薬剤の輸送、薬剤のレセプターなどによる薬剤応答性や副作用の強さを、SNPなどの遺伝子多型を参考にしながら決定することが望まれる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、遺伝子多型情報の検出方法とその情報に基づく薬物の有効性並びに安全性を評価するための方法、及び薬物のスクリーニング方法を提供することを目的とする。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者は、上記課題を解決するため鋭意研究を行った結果、薬物代謝酵素をコードする遺伝子中の遺伝子多型を見出し、これを用いて薬物と疾患との因果関係を評価することに成功し、本発明を完成するに至った。

【0008】

すなわち、本発明は以下の通りである。

(1) 薬物代謝酵素をコードする遺伝子中に存在する遺伝子多型情報から、該遺伝子多型部位を含むように、又は薬物代謝酵素をコードする遺伝子を増幅したときの増幅断片中に前記遺伝子多型部位が含まれるように、オリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーを作製し、得られるオリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、目的の薬物

代謝酵素をコードする遺伝子中の少なくとも1個の遺伝子多型を検出することを特徴とする遺伝子多型の検出方法。

【0009】

遺伝子多型部位を含むオリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーとしては、その5'末端若しくは3'末端又は中央の塩基が当該遺伝子多型部位となるように作製されたものが挙げられる。また、薬物代謝酵素をコードする遺伝子とハイブリダイズし得る断片とハイブリダイズしない断片とが結合したものであって、前記遺伝子多型部位が、当該ハイブリダイズし得る断片の5'末端又は3'末端であるものも、遺伝子多型部位を含むオリゴヌクレオチドプローブに含まれる。さらに、配列番号1～1380に示す塩基配列のうち第21番目の塩基を含む少なくとも13塩基の配列又はこれに相補的な配列を有するものからなる群から選択される少なくとも1つのヌクレオチドも、遺伝子多型部位を含むオリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーに含まれる。上記遺伝子多型としては、一塩基多型、複数個の塩基の欠失、置換若しくは挿入による多型、又はVNTR若しくはマイクロサテライトによる多型が挙げられる。

【0010】

- (2) 前記検出方法により得られた検出結果から、当該薬物代謝酵素によって代謝される薬物の有効性及び安全性を評価することを特徴とする薬物の評価方法。
- (3) 前記評価方法により得られた評価を指標として、使用すべき薬物を選択することを特徴とする薬物のスクリーニング方法。
- (4) 薬物代謝酵素をコードする遺伝子中に含まれる遺伝子多型情報と、被験者から採取した当該薬物代謝酵素をコードする遺伝子の遺伝子多型情報とを比較して、当該薬物代謝酵素によって代謝される薬物の有効性及び/又は安全性を解析し、得られる解析結果から使用すべき薬物を選択することを特徴とする薬物のスクリーニング方法。

【0011】

上記検出方法、評価方法又はスクリーニング方法において、遺伝子多型情報としては、表1に示されるものを、また、薬物代謝酵素としては、エポキシドヒドロラーゼ、メチルトランスフェラーゼ、N-アセチルトランスフェラーゼ、スル

ホトランスフェラーゼ、キノンオキシドレダクターゼ、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ、UDP-グリコシルトランスフェラーゼ、アルデヒドデヒドロゲナーゼ、アルコールデヒドロゲナーゼ、エステラーゼ、NDUF、チトクロームp450 (CYP) 及びATP-結合カセットからなる群から選択される少なくとも1つを例示することができる。

(5) 配列番号1～1380に示される塩基配列又はこれに相補的な塩基配列からなる群から選択されるオリゴヌクレオチド。

(6) 薬物代謝酵素をコードする遺伝子中に存在する遺伝子多型情報から、該遺伝子多型部位を含むように作製されたオリゴヌクレオチド。

【0012】

上記オリゴヌクレオチドとしては、その5'末端若しくは3'末端又は中央の塩基が、当該遺伝子多型部位となるように作製されたものが挙げられる。また、薬物代謝酵素をコードする遺伝子とハイブリダイズし得る断片とハイブリダイズしない断片とが結合したオリゴヌクレオチドであって、前記遺伝子多型部位が、当該ハイブリダイズし得る断片の5'末端又は3'末端となるように作製されたオリゴヌクレオチドも、本発明のオリゴヌクレオチドに含まれる。さらに、配列番号1～1380に示すいずれかの塩基配列のうち第21番目の塩基を含む少なくとも13塩基の配列又はこれに相補的な配列を有するものも、本発明のオリゴヌクレオチドに含まれる。

(7) 前記オリゴヌクレオチドを含む遺伝子多型検出用キット。

以下、本発明を詳細に説明する。

【0013】

【発明の実施の形態】

本発明は、薬物代謝酵素に関する遺伝子多型情報を用いて、被検対象の遺伝子多型を検出する方法に関する。また、本発明は、薬物代謝酵素によって代謝される薬物の有効性及び安全性の有無又は強弱を解析することを特徴とし、この解析結果により、疾患と薬物との関係を評価するものである。複数人が同じ疾患に罹患している場合であっても、薬物代謝酵素遺伝子の遺伝子多型情報は個々の患者ごとに異なることが多い。従って、その異なる遺伝子多型情報から薬物代謝との

関係を導き、どのような遺伝子多型情報を有する場合に特定の薬物の有効性が認められるのか認められないのか、また、どのような遺伝子多型情報を有する場合に副作用が出やすいのか出にくいのか、その薬物の有効性及び/又は安全性を評価する。その結果、ある疾患に対してどのような薬物を使用すべきなのか、遺伝子多型情報からそれぞれの患者ごとに適した投薬（オーダーメイド医療）が可能となる。

【0014】

1. 遺伝子多型

遺伝子多型には、一塩基多型、インサージョン/デリーション型多型、及び塩基配列の繰り返し数が異なっていることにより生じる多型が含まれる。一塩基多型（SNP）とは、一般にはある遺伝子領域の特定の1個の塩基が他の塩基に置換することによる多型を意味するが、本発明においては、上記置換による多型のほか、当該1個の塩基が欠失したことによる多型、当該1個の塩基にさらに1個の塩基が挿入したことによる多型も含めることとする。また、インサージョン/デリーション型多型とは、複数の塩基（例えば2個～数十塩基）が欠失や挿入をしていることによる多型をいい、数百塩基～数千塩基が欠失や挿入されているものも存在する。さらに、塩基配列の繰り返し数が異なっていることにより生じる多型は、2～数十塩基の配列が繰り返されており、その繰り返し回数が個人間で異なっているものをいう。繰り返しの単位が数塩基から数十塩基のものをVNTR(variable number of tandem repeat)といい、2～4塩基単位程度のものをマイクロサテライト多型という。VNTRやマイクロサテライト多型においては、この繰り返し回数の違いが個々人のアレル（対立遺伝子）で異なることにより、バリエーションを獲得している。

【0015】

2. 薬物代謝酵素

「薬物代謝酵素」とは、医薬品を含む外来性異物の生体内における構造変換を触媒する酵素群の総称である。また、一部の内在性物質であっても、治療目的で投与される場合にはその代謝に関わる酵素群のことを指す。薬物代謝酵素は、薬物の吸収、代謝、排泄に関わるものであるため、その酵素の多型はその酵素の発

現量（転写や翻訳）や活性を変化させ、結果として未変化体や代謝物の血中濃度などに違いが生じる。

本発明において、遺伝子多型解析の対象となる遺伝子により発現される薬物代謝酵素としては、以下のものが挙げられる。

【0016】

エポキシドヒドロラーゼ(epoxide hydrolase)
メチルトランスフェラーゼ(methyltransferase)
N-アセチルトランスフェラーゼ(N-acetyltransferase)
スルホトランスフェラーゼ(sulfotransferase)
キノンオキシドレダクターゼ(quinone oxidoreductase)
グルタチオン-S-トランスフェラーゼ(glutathione S-transferase)
UDP-グリコシルトランスフェラーゼ(UDP-glycosyltransferase)
アルデヒドデヒドロゲナーゼ(aldehyde dehydrogenase)
アルコールデヒドロゲナーゼ(alcohol dehydrogenase)
エステラーゼ (esterase)
ユビキノンドヒドロゲナーゼ(ubiquinone dehydrogenase: NDUF)
チトクローム P450 (CYP)
ATP-結合カセット(ATP-binding cassette)

【0017】

その他の酵素

(1) エポキシドヒドロラーゼは、エポキシドをトランス開裂機構で加水分解し、1,2-グリコールを生成させる酵素であり、例えばミクロソームエポキシドヒドロラーゼ1、細胞質エポキシドヒドロラーゼ2などが含まれる。

【0018】

(2) メチルトランスフェラーゼは、アミノ基、水酸基、チオール基などにメチル基転移を触媒する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

カテコール-O-メチルトランスフェラーゼ
ヒスタミン N-メチルトランスフェラーゼ
フェニルエタノールアミンN-メチルトランスフェラーゼ

ホスファチジルエタノールアミンN-メチルトランスフェラーゼ

ニコチンアミドN-メチルトランスフェラーゼ

グアニジノアセテートN-メチルトランスフェラーゼ

アセチルセロトニン-O-メチルトランスフェラーゼ

【0019】

(3) N-アセチルトランスフェラーゼは、アミノ基、スルホンアミド基、ヒドラジン基にアセチル基転移を触媒する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

アリールアミンN-アセチルトランスフェラーゼ1、2

アリールアルキルアミン N-アセチルトランスフェラーゼ

サッカロミセス・セレビシエ(*Saccharomyces cerevisiae*)のN-アセチルトランスフェラーゼ相同体

L1 細胞接着分子

【0020】

(4) スルホトランスフェラーゼは、硫酸抱合に関与し、フェノール類、ステロイド類、アリールアミン、胆汁酸などに硫酸基転移を触媒する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

スルホトランスフェラーゼ1A1、1A2、1A3、1C1、1C2、2A1、2B1

甲状腺ホルモンスルホトランスフェラーゼ

チロシルタンパク質スルホトランスフェラーゼ1、2

スルホトランスフェラーゼ-関連タンパク質3

エストロゲンスルホトランスフェラーゼ

セレブロシドスルホトランスフェラーゼ

HNK-スルホトランスフェラーゼ-1

炭水化物スルホトランスフェラーゼ2、4、5

【0021】

(5) キノンオキシドレダクターゼは、キノン類のo-キノンやp-キノンの還元を触媒する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

NAD(P)H: キノンオキシドレダクターゼ1

NRH: キノンオキシドレダクターゼ2

キノンオキシドレダクターゼ相同体

【 0 0 2 2 】

(6) グルタチオン-S-トランスフェラーゼは、グルタチオンとの抱合を触媒する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

グルタチオン-S-トランスフェラーゼMu1、Mu2、Mu3、Mu4、Mu5

グルタチオン-S-トランスフェラーゼZ (zeta)

グルタチオン-S-トランスフェラーゼΠ (pi)

グルタチオン-S-トランスフェラーゼ シータ1(theta 1)、シータ2

ミクロソームグルタチオン-S-トランスフェラーゼ1

ミクロソームグルタチオン-S-トランスフェラーゼ1-様1

ミクロソームグルタチオン-S-トランスフェラーゼ2、3

グルタチオン-S-トランスフェラーゼHaサブユニット1、2

グルタチオン-S-トランスフェラーゼA3、A4

【 0 0 2 3 】

(7) UDP-グリコシルトランスフェラーゼは、第I相薬物代謝経路である水酸基、カルボキシル基、アミノ基、チオール基などの官能基導入後にその官能基にグルクロン酸供与を触媒する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

UDP-グリコシルトランスフェラーゼ1

UDP-グリコシルトランスフェラーゼ2ファミリーポリペプチドA1, B7, B10, B4, B11, B15, B17

UDP-グリコシルトランスフェラーゼ8

ドリシル-ジホスホオリゴサッカライド-タンパク質グリコシルトランスフェラーゼ

【 0 0 2 4 】

(8) アルデヒドデヒドロゲナーゼは、アルデヒドをカルボン酸に変換する酵素であり、例えばアルデヒドデヒドロゲナーゼ1~10などが含まれる。

(9) アルコールデヒドロゲナーゼは、アルコールをアルデヒド又はケトンに変換する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

アルコールデヒドロゲナーゼ1~7

ヒドロキシ-CoAデヒドロゲナーゼ

短鎖アルコールデヒドロゲナーゼファミリー遺伝子

【0025】

(10) エステラーゼは、エステル部分を加水分解する酵素であり、例えば以下のものが挙げられる。

アリールアセトアミドデアセチラーゼ

グランザイムA (granzyme A)

グランザイムB

インターロイキン17

ユビキチンカルボキシルターミナルエステラーゼL1, 3

カルボキシルエステラーゼ1

リパーゼA

エステラーゼD/ホルミルグルタチオンハイドロラーゼ

カルボキシルエステルリパーゼ

【0026】

(11) NDUF (ubiquinone dehydrogenase) は、ミトコンドリアの呼吸鎖、すなわちエネルギー代謝を担う酵素であり、例えばNADHユビキノンドヒドロゲナーゼ1 α サブユニット1~10などが含まれる。

(12) CYP(チトクローム P450) は、第I相薬物代謝を司り、薬物に酸素原子を導入する酵素であり、例えばチトクロームp450(CYP)1A1, CYP1A2, CYP2A6, CYP2B6, CYP2C8, CYP2C18, CYP2C9, CYP2C19, CYP2E1, CYP2D6, CYP2E1, CYP2F1, CYP3A3, CYP3A4, CYP3A7, CYP3A43, CYP4A11, CYP4B1, CYP4F2, CYP4F3, CYP4F8, CYP11B1, 2, CYP17, CYP19, CYP21A2, CYP27などが含まれる。

【0027】

(13) ATP-結合カセットは、トランスポーターで薬物の吸収や組織内濃度を調節するものであり、例えば以下のものが挙げられる。

ATP-結合カセットサブファミリーAメンバー1~6、8

ATP-結合カセットサブファミリーBメンバー1~11

ATP-結合カセットサブファミリーCメンバー1~6, 8~10

ATP-結合カセットサブファミリーDメンバー1~4

ATP-結合カセットサブファミリーEメンバー1

ATP-結合カセットサブファミリーFメンバー1~3,

ATP-結合カセットサブファミリーGメンバー1

(14) その他の酵素には、ガンマ-グルタミルトランスフェラーゼ1、トランスグルタミナーゼ1、ジヒドロピリミジンデヒドロゲナーゼなどが含まれる。

【0028】

3. 遺伝子多型情報

遺伝子多型情報は、一般的遺伝子多型検出法を利用して得ることができる。例えば、PCRによる方法、アレル特異的オリゴヌクレオチドを鋳型としてハイブリダイゼーションを行う方法（例えばTaqMan PCR法、インベーター法）、プライマー伸長反応を利用する方法、シーケンス法、MALDI-TOF/MS法、DNAチップ法等が採用される。PCR法やシーケンス法はいずれの遺伝子多型の検出法にも使用することができ、他の方法は、主としてSNPの検出法に使用することができる。

【0029】

TaqMan PCR法とは、蛍光標識したアレル特異的オリゴとTaq DNAポリメラーゼによるPCR反応とを利用した方法である (Livak, K.J. Genet. Anal. 14, 143 (1999); Morris T. et al., J. Clin.Microbiol. 34, 2933 (1996))。インベーター法とは、SNPのそれぞれのアレルに特異的な2種類のレポータープローブ及び1種類のインベータープローブの鋳型DNAへのハイブリダイゼーションと、DNAの構造を認識して切断するという特殊なエンドヌクレアーゼ活性を有する酵素によるDNAの切断を組み合わせた方法である (Livak, K. J. Biomol. Eng. 14, 143-149 (1999); Morris T. et al., J. Clin.Microbiol. 34, 2933 (1996); Lyamichev, V. et al., Science, 260, 778-783 (1993)等)。

【0030】

また、プライマー伸長反応を利用する方法として、例えばSniPer法を採用することもできる。SniPer法とは、RCA(rolling circle amplification)法と呼ばれる手法を基本原理とするものであり、環状の一本鎖DNAを鋳型としてDNAポリメラ

ーゼがその上を移動しながら相補鎖DNAを連続して合成していくものである。この方法によれば、DNA増幅が起こった場合に生じる発色反応の有無を測定することによってSNPを判定する (Lizardi, P. M. et al., Nature Genet., 19, 225-232 (1998); Piat, A. S. et al., Nature Biotech., 16, 359-363 (1998))。

シーケンス法とは、遺伝子多型を含む領域をPCRにて増幅させ、Dye Terminatorなどを用いてDNA配列をシーケンスすることで遺伝子多型（特に一塩基多型）の頻度を解析する方法である。

【 0 0 3 1 】

MALDI-TOF/MS法とは、質量分析機 (mass spectrometer) を用いた方法で、基本的には異なる一塩基の質量の違いを利用してSNPジェノタイピングする方法である。PCR増幅を利用した方法とmultiplexを利用した方法がある (Haff, L.A., Smirnov, I.P., Genome Res., 7, 378- (1997) ; Little, D.P. et al. Eur. J. Clinical. Chem. Clin. Biochem., 35, 545- (1997) ; Ross, P., et al. Nat Biotechnol., 16, 1347- (1998))

【 0 0 3 2 】

DNAチップ法とは、ガラスなどの基盤上に多種類のDNAプローブを整列化し、固定し、その上で標識DNAのハイブリダイゼーションを行い、プローブ上の標識（蛍光など）シグナルを検出する方法を利用して、ハイブリダイゼーションで完全マッチと一塩基ミスマッチを分別検出する方法である。

本発明の方法において使用することができる遺伝子多型情報、特にSNP情報は表1の通りである。

【 0 0 3 3 】

【表1】

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
ABCB2	1	5'flanking - 673	agctaaagagtoaaagcaacc G/C otttttccaccagctcgcg	1
ABCB2	2	5'flanking - 646	coaccagootcgcgtgcctg T/G tcccttcacggacactctag	2
ABCB2	3	5'flanking - 563	ttgcaagcgcgtggctgtac A/C ggcgacctccctgcgtccc	3
ABCB2	4	5'flanking - 236	gctttgcgcgcggcgtaac G/T tgttagggcagatctgccc	4
ABCB2	5	Intron3 + 408	aaggaaactgaggccaagac C/T cttaaagctgaaactgcaca	5
ABCB2	6	Exon4 + 153	ccctcaccatggctaccctg A/G tcaccctgcctctgcttttc	6
ABCB2	7	Intron4 + 289	gtattcttttagcatccaag G/T ggcatagctgtgtctctttc	7
ABCB2	8	Intron4 + 291	atttcttttagcatccaagg C/G catagctgtgtctcttttc	8
ABCB2	9	Intron5 - 63	ttccttcaggtaaatgactg C/T ggttctttgtgtccctcca	9
ABCB2	10	Intron7 - 185	gtctctgcctctgtctttgc G/T gcttctttatctctactcc	10
ABCB2	11	3'flanking + 71	agcgcacttttcagctcgg G/A tgtctcctctttttatctcc	11
ABCB2	12	3'flanking + 129	aaactgcacacctttccct T/G aagcttttaattcctatga	12
ABCB2	13	3'flanking + 459	cattcaggaggcccgagtc G/A tgtgacgtcgacagttgctg	13
ABCB4	1	exon3 + 3	aacaccctttttatagat C/T caatgactgagtcagaatt	14
ABCB4	2	intron3 + 45	cagcatctctactatatacca T/G gctctgcttlaaggttctct	15
ABCB4	3	intron3 + 498	actcaaatagtggttagag C/T agagacaattcaatacagac	16
ABCB4	4	intron3 + 515	gagcagagacaattcaatac A/G gacagaagtattagatgaga	17
ABCB4	5	intron6 + 1030	tagttttgcatgtagaatt G/C aaaaagttagataggtgtt	18
ABCB4	6	intron6 + 1437	gttaagcctgctcaataca G/A ttagtatatatttcttcta	19
ABCB4	7	intron6 + 2449	ttgacttagcgacactgtta G/A catacttatcttctctgtgt	20
ABCB4	8	intron7 + 451	ccttgcctgcacctgtctgt A/C taagtttgcttattatagt	21
ABCB4	9	intron7 + 530	agtagagcaggctggcgat G/G acaccggacagagctaactg	22
ABCB4	10	intron7 - 152	aacagaatcatgaaattaag T/C tgttaagtattgaaggcct	23
ABCB4	11	exon8 + 40	aggataaattgtttatgtcg C/T ctgggtaccatcatggccat	24
ABCB4	12	intron8 + 130	ctggttgactccagatata T/C agaaggagtgtgtaaaattct	25
ABCB4	13	intron8 + 248	aatacacaggaagcttctaa A/G taaagtaaggaagtcactct	26
ABCB4	14	intron8 + 531	ctaaagagtgaatggattca A/G tacgtcccttggaactcacc	27
ABCB4	15	intron8 + 4240	ctgaggttccagcttatctc T/A tagagatgtttacttagct	28
ABCB4	16	intron8 + 4343	tgttagaagaaaaaagggtt C/T atattacaagagggtctgac	29
ABCB4	17	intron8 + 4677	cccaagatctctcataact G/C tccatagtcctagggtgcc	30
ABCB4	18	intron9 + 113	tttaoooagatttaacctatt A/G ttatcatttttgcctccaaa	31
ABCB4	19	intron9 + 982	tgtctatataagttttgtt T/A taagtttagtaaatgatta	32
ABCB4	20	intron11 + 457	tcoagottgggtgacagagt A/G agactctctctcaaaaaaa	33
ABCB4	21	intron11 + 1337	taotcttgggggcctatca C/G cagggtgggtcagatatagc	34
ABCB4	22	exon12 + 3	tgtttttttctgtccagat A/T ctctcggcatttagtgacaa	35
ABCB4	23	intron12 + 1288	oagaocacactaaacootag T/C tggaoctcaggtgtcagtg	36
ABCB4	24	intron13 + 206	tgttgataagaataatagat G/A tggttgaccatttgtgaaa	37
ABCB4	25	intron13 + 988	oagtoagtttggagottgc T/C acccttttctacttctcca	38
ABCB4	26	intron13 + (1413-1414)	tttatottacttatgtttt (T) ctcaagtttaagttatgcta	39
ABCB4	26	intron13 + (1413-1414)	tttatottacttatgtttt ctcaagtttaagttatgcta	40
ABCB4	27	intron13 + 1931	cttgcaatgttgcctctcc A/G caaaaaaaaggaaaggat	41
ABCB4	28	intron23 + 784	agtatctctaaactcttgc T/C atgcaggaaaaattatttta	42
ABCB4	29	intron25 + 158	geaatatttctctgtattaa T/C gtctagaacttaaatataag	43
ABCB4	30	intron25 + 2920	ctgagtcttctctatcatct T/A ttccattctcggatgctgt	44
ABCB4	31	intron29 + 411	cttctcttaccctgaattct A/C ggtctctgaactttgacttt	45
ABCB4	32	intron32 + 458	agaaaatgaattgcctac T/C gagctaactctgaaagcaca	46
EPHX1	1	intron1 + 110	tgcasaatgtgttactag C/T ttctagtgcataaaatattg	47
EPHX1	2	intron1 + 143	aaatattgttgagctcttc G/A ctgtcgtggccagtcacca	48
EPHX1	3	intron1 + 1097	aatccagagaggagataga T/G tggaaagtcaagggtggaca	49
EPHX1	4	intron1 + 1717	ttccaagcagagcgagggg T/C gctgctggggcgtgtgttgc	50
EPHX1	5	intron1 + 1772	aactcgatgctttctctcc G/T tctggctcctaactgcagtg	51
EPHX1	6	intron1 + 2054	gaatgttaacaggcaact A/G tggacacagaaagtagatta	52
EPHX1	7	intron2 + 1414	atttccaaaatctgtttggg G/T gtaactgaacacttgggaa	53
EPHX1	8	exon3 + 174	tacctcactctcaagactaa G/A attgaaggtatgtttgcaa	54
EPHX1	9	intron3 + 6583	ctgtcaataccatgaagggg G/C ggcggggcactaagggtgg	55
EPHX1	10	intron4 + 34	agaggttccataactgcccc G/A tccctggccaagggtggccc	56
EPHX1	11	intron4 + 63	aagggtggggcgggtgttcc C/T accaggctctctctccggcg	57
EPHX1	12	intron5 + 154	gcagtgcttgaggcagcttg G/A cttggtctctctgtctgtg	58
EPHX1	13	intron5 + 276	tgttgaccgaagctctggga T/C agccttgagcagaactcccc	59

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
EPHX1	14	exon6 + 130	gatgtgagctgctgtacc C/T gtcaaggagaaggtattcta	60
EPHX1	15	intron8 + 206	ggtgcctgctccggggc C/A cctcagtaccgtccccagt	61
EPHX1	16	intron8 + 353	tggccctccagaaaagaga A/G ggcctcagtgaaggagag	62
EPHX1	17	3'flanking + 708	aggtgcagactcatgcactc A/G gccctgaagggtgagagag	63
EPHX2	1	5'flanking - (523-522)	aaagtcaactggatgcccc (C) tccccgcccccaacacgg	64
EPHX2	1	5'flanking - (523-522)	aaagtcaactggatgcccc (C) tccccgcccccaacacgg	65
EPHX2	2	5'flanking - 522	aaagtcaactggatgcccc T/C cccccgcccccaacacgg	66
EPHX2	3	5'flanking - 521	aagtcaactggatgcccc C/T cccccgcccccaacacgg	67
EPHX2	4	5'flanking - 516	actggatgcccccccc C/G ccccccaacacggcttatg	68
EPHX2	5	5'flanking - 515	ctggatgcccccccc C/G ccccccaacacggcttatg	69
EPHX2	6	Intron1 - 74	tggctgcttctcaatgaata T/G gaacagtgtctgttccatg	70
EPHX2	7	Intron3 + 72	gagcattaggtcagaatcca T/G tgaagtgaagcttgatga	71
EPHX2	8	Intron4 + 473	gtgtgtctctacttaact A/G caaaaggtgattgaatga	72
EPHX2	9	Intron5 + 276	caagagtggatgttcaagg C/T catcctgacctcaactttga	73
EPHX2	10	Intron8 + 8	tgtgtctctccggggg T/C gctgtcttgcagctgtotta	74
EPHX2	11	Intron9 + 1573	atgtctgaagactgatga G/T gatggacggctgcactgctc	75
EPHX2	12	Intron10 + 207	gaacaggatggagatgagct T/C gtttattgtctttaatga	76
EPHX2	13	Intron12 + 911	tgaagagacctgcacatgc G/T catccacatactacaggga	77
EPHX2	14	Intron12 + 2425	atcttctcagctgagcaaac C/T gaggctcagagggttaacc	78
EPHX2	15	Intron12 + 2460	taaccccaactggccaag G/A ccaggatcatgattgggtca	79
EPHX2	16	Intron12 - 281	aaagtccttcaagagattat T/G ataagtgtacottctcatt	80
EPHX2	17	Intron12 - 268	agattattataagtgtacc T/G tctcattataggaattga	81
EPHX2	18	Exon13 + 50	cctgagtcggactttcaaaa G/T cctctcagagcaagcgtg	82
EPHX2	19	Intron13 + 1739	ttgtcgttaacagggtttca G/T atgagcatatttctttga	83
EPHX2	20	Exon14 + 33	atgcataaagctgtgaagc G/A ggtgaagacatgottggga	84
EPHX2	21	Intron14 + 314	gattgagagcttacctc T/C ggggtcacctcgtgtatgc	85
EPHX2	22	Intron14 + 878	attcccttattccttcacac C/T gctgtcactcattcattca	86
EPHX2	23	Intron14 + 948	gcacaggctggatgaagc T/C ggggtgcagctcagctac	87
EPHX2	24	Intron15 + 259	agagggttttcaactttt C/T agtcaggtcctcagagaa	88
EPHX2	25	Intron16 + 459	tctcattgtcagaagaa G/C atgagttccaatctctggg	89
EPHX2	26	Intron16 + 645	gtaagtgaacacacagctac G/A tgccagacttctgccagac	90
EPHX2	27	Intron16 + 985	gtcattatcatcatgacc G/A atgaaatgacaaactgca	91
EPHX2	28	3'flanking + 12	aggtggccttacacacatct T/C gcatggatggcagcattgt	92
EPHX2	29	3'flanking + 374	tggtcagggagaatgcacgg C/T atgggaggaacotttccc	93
EPHX2	30	3'flanking + 544	tagccacctgctttctccc G/A gcttccctagcagagtttc	94
GAMT	1	intron1 + 429	ctcgaaagctgagctcagg G/A agacagctgtcccggtg	95
GAMT	2	3'flanking + 626	cactgacctccttgcctga G/A agaagggcggctcctgtgt	96
NNMT	1	5'flanking - 228	ataatttctcagcagctc A/T agtgcctcctctgtctaca	97
NNMT	2	intron1 + 44	ccccactaatgtgactata T/C agatggagtctcagggcacg	98
NNMT	3	intron1 + 149	ggataaaaacgaatattgt A/G tagcgattccacagtttaca	99
NNMT	4	intron2 + 158	agataggcccatgtgtgtg G/A tgttagtaaatgtgtatg	100
NNMT	5	intron2 + 433	gctgtagccatccaagccta T/C agaacttggtgtgagtgtg	101
NNMT	6	intron2 - 3064	atcatctgactgtaagtgc C/T agttctgtgtaactcaagt	102
NNMT	7	intron2 - 260	atttcattgaggaagtcca T/C ggtagaagcaggtctgtagg	103
NNMT	8	3'flanking + 71	ggctcagtggttggggcca A/G tggttcatctaggacggac	104
PNMT	1	5'flanking - 390	aagaggtgaatggctgggg G/A ggtgggaagagagatggg	105
PEMT	1	exon2 - 4	agctcagcagacctcctg C/T gtgtggtagctccttcc	106
PEMT	2	intron4 + 39	actgtccagacgggagatc C/T cactgcttggtagccccc	107
PEMT	3	intron4 + 1317	accgtccacagctggcccca G/A cctcctgacatggcctctg	108
PEMT	4	intron4 + 1355	ctggagccaggtgcagccg A/C agtgctggccatcctggcg	109
PEMT	5	intron4 + 5925	gtccaggcactgtggcccta C/T gtggaggtctccagctcca	110
PEMT	6	intron4 + 6028	ggcagtggtccaaagaccag G/C atggaactcctctctcacc	111
PEMT	7	intron4 + 6078	atctgtaccctgcggactc C/T aactggcttctgccaacac	112
PEMT	8	intron4 + 6089	cgaggactctacotggcttc A/G tgccatcaccocogocagat	113
PEMT	9	intron4 + 6379	tcagggtgccctocctat G/A ootocaoocctgcctoto	114
PEMT	10	intron4 + 7339	tgaaggaatcctgccaa G/T ggonagatgcacacgggtca	115
PEMT	11	intron4 + 7619	ctcctgaoaatgtgctoaag A/G gaggaaaggcatttgacagg	116
PEMT	12	intron4 + 8858	ggcattgtgtgtgtgtga T/G gttgtgagtggtgcatgt	117
PEMT	13	intron4 + 9029	ttcttgaccagaaagcgtc G/A tctctgtccagggcctcttg	118

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
PEMT	14	intron4 + 9056	gcaggggcctcttgcacttg C/T gggaaagctgagctgagctg	119
PEMT	15	intron4 + 9512	ctgagctgggcagcagcatt A/G ctctgtgtctgtctggcact	120
PEMT	16	intron4 + 9523	agcagcattactctgtgtgc T/C gctggcactggcctgtgtgg	121
PEMT	17	intron4 + 9622	gacaaaagtgtacaacaagg G/A tctcgaactgggtcagctca	122
PEMT	18	intron4 + 10776	ccattctctgggtctcttttg G/A aggcgtgaatgaaattccatg	123
PEMT	19	intron4 + 10912	tctgccccactttgtctcaga G/C gtgcacaaggccttcaggga	124
PEMT	20	intron4 + 11590	ggacactggcctgtgtcaga G/C gtgtgtctctctctcctcag	125
PEMT	21	intron4 + 12090	ggccagggcacccctaccag G/C ctgagtcccaactgtccagc	126
PEMT	22	intron4 + 12263	tacccgccttccagatgga G/A cgggctgtctatgggactta	127
PEMT	23	intron4 + 12448	tctgttccctctctctgctt G/A tagtttctgtggctaaaatc	128
PEMT	24	intron4 + 12730	tgggaccagctggccacaca G/T gggccaaggacctgtgttc	129
PEMT	25	intron4 + 13240	gggctccaggcacacagcgg T/C cccagtcacacctgtcgttt	130
PEMT	26	intron4 + 13494	tcctgtggaactcagagatgg T/C acctccctgcgaggtgggc	131
PEMT	27	intron4 + 13817	aaacttccctctgtgtgag A/G cagatcttggagcctcggcc	132
PEMT	28	intron4 + 14773	ccgcctgtgtctcatgccc C/T ctatgootctcactgcttg	133
PEMT	29	intron4 + 14951	gtcctgaggccctccacc G/A ggcctgggggtccctcaca	134
PEMT	30	intron4 + 16896	cctgtgactgtcttggagac T/C ggtcttggcgggctgtg	135
PEMT	31	intron4 + 19439	ccaggagcctctgaggcagc G/A ggggttctcaaccacacac	136
PEMT	32	intron4 + 19559	attttgcagctgtcagct G/T cctttcataatgaagcaagg	137
PEMT	33	intron4 + 20051	acagcaatggggggccacg A/G catctgcagacgcatttgat	138
PEMT	34	intron4 + 20816	tggactctctggctgcac G/T agccacttcagtgccagctg	139
PEMT	35	intron4 + 21196	ggctgtctgggcccctggat G/G atcgtgacagccttttagtg	140
PEMT	36	intron4 + 21528	acaggtgggagccgagcct G/T gagggtggcgggctgagc	141
PEMT	37	intron4 + 21596	ccgttccctcgtgtctggc C/T gtagcagaaagtgtccact	142
PEMT	38	intron4 + 22672	agcctccactgccttctgg C/T tgaggggaggggcccggctc	143
PEMT	39	intron4 + 22713	tatacgtgtctcttttgt A/T ctgaaacacaaacacctct	144
PEMT	40	intron4 + 23010	tgccgggagcggggaggga G/A ggcgagtggttcccccaagt	145
PEMT	41	intron4 + 23588	gtcagggcctcagcgtatcc C/T gcagccaagttctggcgga	146
PEMT	42	intron4 + 23627	gacactccctgagccagga C/T ggtgaggtgggagccttcc	147
PEMT	43	intron4 + 23941	tgagggttgggaactac G/A aggagagtggaactcagggg	148
PEMT	44	intron4 + 24091	gacacctcttactgtcagc G/T ctgagacacgcccctgccct	149
PEMT	45	intron4 + 25348	caggccagttggaatctcag G/A tagagtgaaagcatctcagc	150
PEMT	46	intron4 + 25603	taagcagttaacactgatgc G/A tgatgaaattccaacagca	151
PEMT	47	intron4 + 31540	ccctcaggtggcaggacac T/C gtgaggagcatgcaacgtgc	152
PEMT	48	intron4 + 31637	gtgggtgggagccaggac G/A gtgagggtctcaaggtgtg	153
PEMT	49	intron4 + 31642	ctgggagccaggacggta G/A gggcttcaaggtgtgttgt	154
PEMT	50	intron4 + 35593	ggaggagctgaagagctgg G/A gctcgggagcaggtgttca	155
PEMT	51	intron4 + 35647	actttgaggaaocacggac C/A tgcctgtgtgtgggagac	156
PEMT	52	intron4 + 35862	tcacagtggtgtgtctgtcc C/T cgtctcagccgagcactcag	157
PEMT	53	intron4 + 35882	ccgtctcagccgagcactca T/G cggccagggtggtggaactc	158
PEMT	54	intron4 + 37141	ccacaggccggatgcttga T/C acttctcagctcaggggctg	159
PEMT	55	intron4 + 38862	tggagagaccaoctcagaca C/G caaggacgggcatgcatgg	160
PEMT	56	intron4 + 38872	acctcagacagcaaggacgg G/T catgcatgggtcccggcag	161
PEMT	57	intron4 + 39140	atgtctcaatctccctccc G/T gggaaatctaggcacaggtc	162
PEMT	58	intron4 + 39635	caggccaggagcaggtggg G/T octoatocaggagcagggo	163
PEMT	59	intron4 + 39713	actctgagcatgtgtgtcc C/T tcttcttccagggcagca	164
PEMT	60	intron4 + 40436	cctgttctgtctgggccc G/A gaggcagacagaggagcct	165
PEMT	61	intron4 + 47485	acaatgactgttggagccct C/T gacaggtctgttcacgtg	166
PEMT	62	intron4 + 48131	actggggatcctgaatccc G/A cctcctgatgccagtggagc	167
PEMT	63	intron4 + 48558	cacagtgtgaactgttaggc G/G acagccacatcttgcggag	168
PEMT	64	intron4 + 48702	gagatggggcggttggga G/A gcaaaagcaggaaggcagaa	169
PEMT	65	intron4 + 50302	gcattgtcatgggcagagc T/C gttcccatctgagtgagac	170
PEMT	66	intron4 + 54102	ggccgctgtctcctgagcc A/T tgggtctcctgtggcagttct	171
PEMT	67	intron4 + 54220	cccaggagacagatcttctcc G/A ccagcgtctcttctgct	172
PEMT	68	intron4 + 54371	gcagataatgtcagctggg G/A tgcattgtgttctgtctcc	173
PEMT	69	exon5 + 79	tggcctgtactctctaagc G/C tcaccatctgtctcctgaac	174
PEMT	70	intron5 - 6796	ggagggaagtcagcttctac A/C gatgtggctcccagcttcc	175
PEMT	71	intron5 - 6636	ttttctctctcacttttg T/C gttcaggaggaaggtgtgc	176
PEMT	72	intron5 - 6448	gttgggcccaggtctgacag G/A acctcgggaccagctcctg	177

遺伝子名	No.	存在位置	配 列	配列番号
PEMT	73	intron5 - 5218	ggagccctggctgaagaagc C/G ttacgaccaaggcctggagg	178
PEMT	74	intron5 - 4824	ggacagcccggggttgagc G/A gctgcatgaaggaggagg	179
PEMT	75	intron5 - 4249	tcaccagagtatttctcg C/A ggcaggtgcctgggtagcc	180
PEMT	76	intron5 - 4230	ggagcaggtgcctgggttag C/T cactggcggggtccatgag	181
PEMT	77	intron5 - 4182	ggagagtaaggggtggggg G/A cacttaggacagggaagctg	182
PEMT	78	intron5 - 3369	ccaggtggggcctgtgcct G/C tggcctggtgtgtggccag	183
PEMT	79	intron5 - 2625	cagggagctggccctgaa C/T gagctggccttttggccac	184
PEMT	80	intron5 - 1200	attattgtgagcatgggaag A/T gcacatttggtcacacatgt	185
PEMT	81	intron6 + 606	gcctggctagagcccccac A/G tgacctgatgatggcagca	186
PEMT	82	intron6 + 1229	tttggccaggaaggaggac G/A gcagccaggagcgtctggt	187
PEMT	83	intron7 + 716	atggagatgtgctcccccgg C/G gggctcagaggacgtcggtc	188
PEMT	84	intron7 + 1537	ctctgggggaagataagoo G/A cctccagaggacatcagcca	189
PEMT	85	intron7 + 1718	ggccttcaggtgtctgagc T/C ccccgcatgtaggaccca	190
PEMT	86	intron7 + 2695	ggctttgggggaccctggac C/T catttctagaaaacagcctt	191
PEMT	87	intron8 + 140	ccagggtccacagtgacag C/T ggccatggtagcttcaatg	192
PEMT	88	3'flanking + 179	tacttaggagcgtcagggg C/T tcacctggccatggccatgg	193
PEMT	89	3'flanking + 394	gatgacactgtcatttctaa A/G tgaatggccttgtgtgacc	194
GSTM3	1	5'flanking - 144	ccaacgcggcattagtcgc G/T cctggogaaggcctgtgga	195
ALDH5	1	5'flanking - 2808	cgttgactgtaggactctc C/T ccacgtccctaatccatc	196
ALDH5	2	5'flanking - 2575	gcagttcccgcgatagaga A/G ggtccggtccttccgctgt	197
ALDH5	3	5'flanking - 2537	tgtgggtgaactgtaaaaa C/T tgctgtattcaggaggata	198
ALDH5	4	5'flanking - 940	cttcaactaatctgggaaca C/T tacactctgtttaattca	199
ALDH5	5	5'flanking - 785	tgggaagctgaagggat G/T ctgagacctgtgttgggg	200
ALDH5	6	exon1 + 183	ccgacggtcaaccctaccac T/C gggaggctcattgggcagt	201
ALDH5	7	exon1 + 257	cgtgaagcagcccggaag C/T ctccgcctgggtccccat	202
ALDH5	8	exon1 + 320	gcggggccggtggtgaao G/T cctggcagccctagtggagc	203
ALDH5	9	exon1 + 605	acttcccccggactcgcca C/T aggaacactgtgttatga	204
ALDH5	10	3'flanking + 1527	aaagtgcactgtgaagccc G/A tagagaaaaactctgttcc	205
TGM1	1	Exon2 + 179	tgccgaatgcggcagatga C/T gactggggaactgaacoto	206
TGM1	2	Intron9 - 611	acttaccactctgtctctc C/T tgccaggccttctctgca	207
TGM1	3	Intron9 - 272	ccgcacatctgtacccgcc C/G ccactcctcagcagaggagc	208
TGM1	4	Intron10 + 54	tcagtcatgggttctctgt C/T ccaacttcacccgtgactga	209
TGM1	5	Intron10 - 51	aggaggccgggagtcaggcc A/G cctcagaccctctggctca	210
TGM1	6	Intron12 - 47	ggagttccctgggggaagcc T/G catgtagggaagcaggcctc	211
TGM1	7	Intron13 + 72	ggataaggacatcagaggtg G/A ggcctaagccagcagcaggc	212
TGM1	8	Intron14 + 1671	atcttaccacacaccccca C/G catgtggggaggttctca	213
TGM1	9	Intron14 + 1691	ccatgttggggaggttcto G/A tccaaaggatcccgagagc	214
TGM1	10	Intron14 - 1634	tcctgtcctcctcctcag G/A gagctcagaacaccttcaa	215
TGM1	11	Intron14 - 1459	ggaaacccctcagaaacagg T/C tccaagccaaatgctttgcc	216
TGM1	12	Intron14 - 801	cagaatcaaaagtggatg G/C gaggaaaggagtcctgttag	217
TGM1	13	Exon15 + 233	ctcgaggtggagcttagccc T/C gtgccaggagcaatgggact	218
TGM1	14	Exon15 + 369	ggagtcagttctacttga C/A tgggggaacagatgctaata	219
GGT1	1	intron1 + 85	ttatocagtaaggtgctoo G/A tcaactcttttctgtgtgg	220
GGT1	2	exon3 + 68	gacggccaggtccggtggt G/T gtgggagctgtggggcac	221
NQO1	1	1 intron 1 80	aggaggtgttaggggttgg C/A ctgaattttgtccttgact	222
PIG3	1	5'flanking region -47	gggaaggaggaaaggaaaga G/A gggagggtgtgtotgotta	223
PIG3	2	intron 2 243	taacaccggagcccgagcag A/C agtccagcttcttagaatc	224
PIG3	3	3'flanking region 282	agcaggcccgagccctgccc G/A ctactcacctgggcccacc	225
NQO2	1	5'flanking region -434	ttctgttgcaaccaggaco C/G tcattotgtaacoggatac	226
NQO2	2	5'flanking region -406	gtaaccgggataccagccag A/G gatggggagcggggcgca	227
NQO2	3	5'untranslated region -102	tcctggtgctcctactggg A/C gtgcgtgtgtggaagtgga	228
NQO2	4	intron 1 1919	tcactcaaataagagctgagt T/C agtcaactagcttctggacc	229
NQO2	5	intron 1 2004	acaaactcacatgccaccag C/G catatgatgtaaacatgtaa	230
NQO2	6	intron 1 3391	aaagcagagggtgtgcagg G/T gccctggccctaggctagg	231
NQO2	7	intron 1 3456	caaggcctcactctcagg G/A ggcccaactctctgttttag	232
NQO2	8	intron 1 3595	actgcccagcttaggttca T/C tcttgaagtgttctgtgtg	233
NQO2	9	intron 1 3596	ctgcccagcttaggttcat T/C ctgtgaagtgttctgtgtg	234
NQO2	10	intron 1 3598	gcccagcttaggttcatc T/C tgaagtgttctgtgtgca	235
NQO2	11	intron 1 3651	ccctgcgttgaaggatg A/G atgtgacctctcccacattc	236

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
NQO2	12	intron 1 6036	tggtgtggcgggttcaactgat C/T cccacagccttctgtotogato	237
NQO2	13	intron 2 14	atggcaggtaaatgattcaact A/G ttgtggagtaagactttttt	238
NQO2	14	intron 2 192	gccacgtggaagtgtataaa C/T tatctggaattatctgttt	239
NQO2	15	intron 2 635	caccctgttttagcacctagc A/C ccacccctggcctctgccca	240
NQO2	16	intron 2 685	agtagcaccctctccccacc G/A gctgtgacaaacaaatgt	241
NQO2	17	exon 3 139	ctgatttgtatgccatgaac T/C ttgagccaggggccacagac	242
NQO2	18	intron 3 36	aatgctctatttataaaaac T/C atctttatgtttttacttt	243
NQO2	19	intron 3 728	aacgtgggcataaacaccaca T/C ctagtgcacaaaagcagggtg	244
NQO2	20	intron 4 1577	tgcctctgacacaccccttcc C/T gacaccagccctttcttac	245
NQO2	21	intron 4 1832	tggcggggccacgtggagcc C/T gctttctctctgcacccac	246
NQO2	22	intron 4 2583	tggtgttacgcacagctcct C/T gtccctctcctgcctgccca	247
NQO2	23	exon 5 330	ctgtaactgttaagcgtgac A/G gcootootgaaggcgtggt	248
NQO2	24	exon 5 405	atcccaggattctacagttc C/T ggtttgtctcaggatgtgc	249
NQO2	25	intron 5 21	gtatgtctctgtgataagg A/T tcactatggatagttggagg	250
NQO2	26	intron 5 253	atggcaacaaggaggtggg T/C cagggtcagggtgacggggg	251
NQO2	27	intron 6 2435	cccccttaaatcatttaac T/C gaattgtatgtaacaggtgt	252
SULT1A1	1	5'flanking region -1597	gcagagtaaaaggactcaact C/G aagaagaggaacgtgggggt	253
SULT1A1	2	5'flanking region -1491	gaggggtatattcatgaaga G/T tccaggaaaaggtaagatt	254
SULT1A1	3	5'flanking region -1376	cggttcatatgttactgat C/T atacaatgagatcctagggtg	255
SULT1A1	4	5'flanking region -1375	ggtttcataatgttactgac A/G tacaatgagatcctagggtg	256
SULT1A1	5	5'flanking region -1370	catatgttactgatcataca A/G tgagatcctagggtgaacct	257
SULT1A1	6	exon 1B -65	aacctctgattccccacaca G/A caccacacatcagccactgc	258
SULT1A1	7	intron 1B 442	gagccaccctgcctaggcct G/A tgcctttgtctgagtcacag	259
SULT1A1	8	exon 1A -197	gctgggggtccacagcaggaa A/G tggtagacaaaggcgcgtg	260
SULT1A1	9	exon 1A -159	ctggctggcagggagacagc A/C cagggaaggtcctagagcttc	261
SULT1A1	10	exon 1A -95	gagaccitcacacaccctga T/C atctgggccttgcccagca	262
SULT1A1	11	intron 1A 60	ctggttttcagccccagccc C/T gccactgactggttttga	263
SULT1A1	12	intron 1A 69	agccccagccccgccactga C/G tggctttgtgagtgccggca	264
SULT1A1	13	intron 1A 174	tgtgatgtgtgaagggaac G/A ggcttggtctctggcccctga	265
SULT1A1	14	intron 6 11	catgaaggaggtgagaccaa C/G tgtgaagottccotccatgt	266
SULT1A1	15	intron 6 17	ggaggtgagaccacctgtga A/T gcttccctccatgtgacacc	267
SULT1A1	16	intron 6 35	gaagcttccctccatgtgac A/T cctgggggcccgcacctcac	268
SULT1A1	17	intron 6 71	ctcacaggggacccacccagg T/C caccagccccctcccttgg	269
SULT1A1	18	intron 6 108	ttggcagccccacagcagg C/A ccgattccccatcctgct	270
SULT1A1	19	intron 6 111	gcagccccacagcagggccc G/A gattccccatcctgccttct	271
SULT1A1	20	intron 6 270	ctccctgccaaagggtgtgc C/T acccaggggccacagtcagtg	272
SULT1A1	21	intron 6 488	ttttacttttctgactcag C/T aatccagagcctccactgagg	273
SULT1A1	22	intron 6 509	aatccagagcctccactgagg A/G gccctctgctgctcagaacc	274
SULT1A1	23	exon 7 600	ccctotgtgtctgaagacc C/G aaaaaggagattcaaaagat	275
SULT1A1	24	exon 7 645	gagtttgggggagctccct G/A ccagaggagaccgtggactt	276
SULT1A1	25	exon 8 902	gctgtgagaggggctcctgg G/A gtcactgcagagggagtg	277
SULT1A2	1	5'flanking region -547	tgttctttctgtgtctatg G/C atccatgctctgctccacc	278
SULT1A2	2	5'flanking region -425	tgtgggttgcactggggcag G/A acccctggacacctcaagac	279
SULT1A2	3	5'flanking region -358	ctttccagggcctgcctatc C/T cagtttctctcttctgct	280
SULT1A2	4	5'flanking region -355	tccagggcctgcctatocca G/T ctttctcttcttgcctggg	281
SULT1A2	5	5'untranslated region -28	actgggggcaggaggggcac A/G aggcaggttcccaagagct	282
SULT1A2	6	intron 1A 85	ctgactggcctttagtgac G/A ggcaagtcactcagcctccc	283
SULT1A2	7	exon 2 24	gagctgatccaggacatctc T/C cggccggcaactggagtacgt	284
SULT1A2	8	intron 2 34	gccacccaccctctccagg T/C ggcagtcaccaccttgcca	285
SULT1A2	9	intron 5 77	cagoaacctgtgtgggca C/T ccttgccctgctctccagtg	286
SULT1A2	10	intron 6 684	actgggttccaggggtcga G/C gagctgtgtgaccttggttt	287
SULT1A2	11	3'untranslated region 895	gctctgagctgtgaggggg T/C tcttgagtgactgcagagg	288
SULT1A2	12	3'flanking region 98	cctccccgctccagctctc A/T acttgcctgtttggagagg	289
SULT1A2	13	3'flanking region 817	ccactgactcggggttgc A/C aggtcggcagggtggcaaa	290
SULT1A2	14	3'flanking region 1006	cctctccctggaggtgct T/C taccgctgtggggggcgc	291
SULT1A2	15	3'flanking region 1464	tcccgtagccaggccaagt C/T ggtgaccagagagcagcccc	292
SULTX3	1	intron 1 332	cctgcttctccctttacgt G/T ctggctgtgtgaccttgac	293
SULTX3	2	intron 1 1167	taggaatggotaagcgtgc G/A ttgcttctgtggcactca	294
SULTX3	3	intron 1 2872	cattctcactgatgcagac G/A aagcttctggcctggcgt	295

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
SULTX3	4	Intron 1 6242	cacccttggtctttaccagc A/G tggaaacattttacctgaat	296
SULTX3	5	intron 1 6601	gcgtgggtctctggaggag C/T gagaggagagtggaggccc	297
SULTX3	6	intron 1 6768	agcttgaaatgagccagact C/T tccctggaccctgttgacccc	298
SULTX3	7	intron 1 6905	agtactttgtttatcctco C/T catcctcacaaactttgcoat	299
SULTX3	8	intron 1 7464	gccaggatcccttgagagac G/A acatgaacacagccaggagc	300
SULTX3	9	intron 1 7833	tgcttcgggtctgggtggc G/A ggggcagctgtgtccaggc	301
SULTX3	10	intron 1 8189	caaacctggggcccttaatgc C/T gcacaccagagccctctttc	302
SULTX3	11	intron 1 8316	ctctcacacaaggcggagc C/G tcttcccttgaggcagagc	303
SULTX3	12	intron 1 8617	agacagaggctggggccaag C/T cagggttgccggagcttcct	304
SULTX3	13	intron 1 8631	gccaagccagggttgccgga G/T cttcctggactgttcaggcc	305
SULTX3	14	intron 1 9493	tttctcttagagcttccc G/A tctgtctgtgtctcagggo	306
SULTX3	15	intron 1 10306	caggcggggagcctgaatgc C/T gcagtcgtgagggtggccag	307
SULTX3	16	intron 1 11987	tcataaaataatgatatcag T/C acactttttgaaatttgag	308
SULTX3	17	intron 1 13085	ctctgtgcccgtgttgaga C/A aggccatgcccagagtcct	309
SULTX3	18	intron 1 13108	gccatgccctagagctctgg G/A gagttccaccccagacagc	310
SULTX3	19	intron 2 700	gaaccatctgggagctgttc C/T gtactgccgtgccggggcc	311
SULTX3	20	intron 2 818	agccatagtagctagccagc G/A atcagcgtggggaggagc	312
SULTX3	21	intron 2 1677	actccacttccctgaaccc C/T acccttcttctctctctctg	313
SULTX3	22	intron 4 4954	gcgtccgaagcggggaggc C/T tgggatggctcaagacgtga	314
SULTX3	23	intron 5 3632	ccagctgactccacaccag C/T ggtagagacattgtcttt	315
SULTX3	24	intron 5 3662	acattgtctttaaggcttc C/T gaagtgtgcaataaagaaa	316
SULTX3	25	intron 6 1874	ttgtatctcagagagctgac A/G etggaaagaattctaaacga	317
SULTX3	26	intron 6 2133	agaccggtgctgcagttta T/G cccacagctcagccctccct	318
SULTX3	27	intron 6 2524	ggaaggccagggctgcctg T/C gatgccagagcagtgcaact	319
SULTX3	28	intron 6 2573	agatcatactgctcctggg A/G tgtttattaaacacotgcc	320
SULTX3	29	3'flanking region 12	gttcccgctgtgctgcag C/G gtttctgtcttggggtag	321
SULTX3	30	3'flanking region 445	tcacaaagcctgtcttctga T/G ttctgtggaaggagagtc	322
TPST1	1	5'flanking region -298	aocccgacaccatgcooagct A/C atttttttgtattttttt	323
TPST1	2	intron 1 3520	agaaaagcagattaatgaa C/G agtgacgcttagacaacaag	324
TPST1	3	intron 1 3610	ggcagaagaggaatatagca A/G ctattaaacacaaataaatt	325
TPST1	4	intron 1 20828	tattgctgtccacactggcca A/G tgtgtcctgctgataagtc	326
TPST1	5	intron 1 -6761	aatacaatactattotgta T/C aattctagaggccagaga	327
TPST1	6	intron 1 -544	tagaacaagtgaatatttta C/T gtcttagtggtttatggtt	328
TPST1	7	intron 1 -526	tacgttcttagtggtttatg G/T ttggcagttttccccaaca	329
TPST1	8	intron 1 -234	tcaagacatttaataatgca C/T atgtttcagctaacctttt	330
TPST1	9	intron 1 -48	ttatagtggtttaagcatg A/G ttctaaaaaatttaataa	331
TPST1	10	intron 2 -18944	aaaacattagaactgggaag G/A ttaaaaaatcttagtcttt	332
TPST1	11	intron 2 -18687	tatgtgcaccctaataacat A/G ttctctaaaaactagtacta	333
TPST1	12	intron 2 -18501	ttggaaggttaacttaatgta A/G gtgcctgaaaaacaggata	334
TPST1	13	intron 2 -159	gaatggggttttccctcagt C/G ctgccactggctgctcttg	335
TPST1	14	intron 2 -19	acctgttgctttaaacctac G/A ootgottttgtttccaggt	336
TPST1	15	intron 3 158	tgctggggaagaagatcag C/G gctgggacttgttgatttt	337
TPST1	16	intron 3 3779	agcaggccagctcacctcc C/T ggcacaccatgtgttcacc	338
TPST1	17	intron 4 292	ttgttattttcattatgaac C/T atgaatatttcagctgaaa	339
TPST1	18	3'untranslated region 1518	gttgctgtacatgttctaa T/G gttttgtagaacagctgtgc	340
TPST1	19	3'flanking region 264	acggctgcttgccctgcat C/T cattttgtagtgaagtttct	341
TPST2	1	intron 2 578	tcacctatcatootcatg G/A aggatgccaggataoctcco	342
TPST2	2	intron 2 789	cttaagccatctgcaggtc A/G ttgtgtctctgtctcaatt	343
TPST2	3	intron 3 2009	cccaggctggagttagtgg T/C gtgactcggctcactgcaa	344
TPST2	4	intron 3 2017	ggagttagtgggtgact C/T ggctcactgcaacctccgac	345
TPST2	5	intron 3 2035	ctcggtcactgcaacctcc G/A cctcccggtttcaagcagtt	346
TPST2	6	intron 4 104	aatgttcaagctctcaattc C/T tggctatctgatttttct	347
TPST2	7	intron 4 379	taataataaactatttgt C/T cttttctgtcttataaggt	348
TPST2	8	intron 4 588	tactgcagcctgatacttct C/T ggttaagooatctctaac	349
TPST2	9	intron 4 626	cacccaggctcctgagtag C/T taggaactgcaggtgcacgcc	350
TPST2	10	intron 4 718	ccaggtcgtctagaactc C/G tggccgttaaggatgccct	351
TPST2	11	intron 4 873	gttgatggcctattttatac G/A ttccattacagcttctagt	352
TPST2	12	intron 4 949	caaatatttgaactggac C/G caggcctgaggaagagcttt	353
TPST2	13	intron 4 1033	taagctcagcatttctgagc G/A tgtgctgattttaggaaala	354

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
TPST2	14	intron 4 1051	gcgtgtgctgatttaggaa A/G taaacagttatcgtattgaa	355
TPST2	15	intron 4 1356	gattcaacgtacataccagc C/T gacattgacagptgaatggc	356
TPST2	16	intron 4 1707	gtctccttaaaagggtgctc G/T ctgcccttgcttgcgccag	357
TPST2	17	intron 5 215	aagaccagcgtgacccaaaac G/A gtgaaccccgctctctata	358
TPST2	18	intron 5 341	tgggaggcagaggtgcagp G/A agctgagatcacgccgttc	359
TPST2	19	intron 6 31	ggacttcaactgggggttccc G/A ctgcttctgggtggcccg	360
TPST2	20	intron 6 273	gtttgtctgacactggggac A/G gggcaggagcaccactatg	361
TPST2	21	intron 6 693	aaagggtatttttgeact G/C gtaattcaagatttaagat	362
TPST2	22	intron 6 1635	tcctgggtacagagttggcc T/G tgaacaaacatgagtccttc	363
TPST2	23	3'untranslated region 1147	cttccccactttcagatctc G/T gcaaatgacttcattgcca	364
SULT1A3	1	exon 8 843	cgcttcgactcggactatgc G/A gagaagatggcaggctgcag	365
CST	1	intron 1b 6302	agagctcccccagagaggact A/G tgaggctgcatgatcatga	366
CST	2	intron 2a 1004	gagtgaagccccatctcta C/T aaaatttttttaaaaagta	367
CST	3	intron 2a 1395	atgcctaagtttacagtgc T/C aggcaggaaaggcacaacca	368
CST	4	intron 1d 473	ccagagcctgaggttggtgc T/A gggcccccctccatggtgcc	369
CST	5	intron 2b 726	ctatctotocagtgootctc T/C gtccctgtctggaccctgct	370
CST	6	intron 2b 745	ctgtccctgtctggaccctg C/A tggggggccacagagcaggc	371
CST	7	exon 3 85	tcactagtctcctgctgctg G/A tgtactctatgcctgccc	372
CST	8	intron 3 308	tcgtctgaggtcaggatgtc G/A agaccagcctggccaacatg	373
CST	9	intron 3 853	ttttgctataaaatggca G/A ttctatgtggcccaagctga	374
CST	10	exon 4 198	gaggcagtgatccggcccaa C/T ggctcggcggggagtgcca	375
SULT1C1	1	intron 3 2280	gcaaatttttgtattttta G/T tacagtcagggttttaccat	376
SULT1C1	2	intron 3 3742	gcagatctcactttctggca G/A attccctgaatttgcctccc	377
SULT1C1	3	intron 3 4453	ttcatagggttttccctca C/T ttgttttgaattttgtata	378
SULT1C1	4	intron 3 5234	gaaaagagactagaggcagg A/G gagctttgcagttctctaa	379
SULT1C1	5	intron 3 6175	tggctggcagggaagtgagg G/C agtctctctctctgtgtcc	380
SULT1C1	6	intron 4 205	ecatgaaggcaggatccaga T/C tgaatttttgagggaacta	381
SULT1C1	7	intron 4 408	ggctcacgctgtaatccca G/C cactttggaggccgaggcg	382
SULT1C1	8	intron 4 429	cactttggaggccgaggcg G/C gtggatcacaaagtcaggag	383
SULT1C2	1	5'flanking region -110	tcctgttaactcacagagaa G/T ggaagggtggaacgggacc	384
SULT1C2	2	exon 1 15	acactaatggccttacaca C/G atggaggattttacattga	385
SULT1C2	3	intron 1 297	gtagactgtttattttatc A/C ttcccaatctaggcccttat	386
SULT1C2	4	intron 1 363	gagtgtgtgagctgaaagg T/G gatcctgagctgatttggg	387
SULT1C2	5	intron 1 2300	ggctactatcagcagccac C/T acctcagggaaggatgacttc	388
SULT1C2	6	intron 2 455	aagaotttgaagcaaataga T/G aaaaaaaaatogtagaaat	389
SULT1C2	7	intron 4 55	caaaatctccaaacacctta G/A aaggaaagaatctttcttt	390
SULT1C2	8	intron 4 111	ctgccttctttaatggaaca T/C tctcactctcttcaggat	391
SULT1C2	9	intron 5 1657	ctttgttttactttgttt T/C acttggatcaaaagtgtgt	392
SULT1C2	10	intron 5 2082	tctgtctctagagatggagg C/A gtcccacagccaaagtgtg	393
SULT1C2	11	intron 6 933	agctactgaacctctccac A/G taactgtatttcaggggcag	394
ST1B2	1	intron 1 80	acttgtccataaaatcatta C/T cattctaataaaagttaata	395
ST1B2	2	intron 2 -352	aacatttaaatagtcattta T/C agcaatgcacaggtataata	396
ST1B2	3	intron 2 -85	attacataatgtcaaaaat G/A tottgaaaaactggttgca	397
ST1B2	4	intron 4 460	gtacttgacattaaaaata T/C ctgatgttatatatccata	398
ST1B2	5	intron 4 470	ttaaaaaatatctgatgttt A/G tatatccataaatagctaat	399
ST1B2	6	intron 4 518	ttaagattgtctcatatt C/G ttacttctttgttactaa	400
ST1B2	7	intron 4 616	aattttatgaaaatagact T/C ttatctggtttttagtgoot	401
ST1B2	8	intron 5 58	ctgcacatctgttaaaagg G/A ttgatatttgcttccaact	402
ST1B2	9	exon 6 612	taatagaatccaaaggagg A/C atcaagaagatcattagatt	403
ST1B2	10	intron 6 582	aatacattactccatttaa G/A tagtctgttattgtggctt	404
ST1B2	11	intron 6 3130	agatgtaaaaaattattosa A/T ttttaaaagcctgaataatt	405
ST1B2	12	3'untranslated region 907	tttaaaagtgtcaaatcaca C/A atctgaagaataagagatt	406
ST1B2	13	3'flanking region 50	tcagatcccgattttgttc T/G ttgattctgatttccaat	407
ST1B2	14	3'flanking region 328	ttgacccaggacactgtgt T/G ccaactgtgtctaccgagt	408
ST1B2	15	3'flanking region 446	gtagttoagattttgaaat C/A tttttctatatcatacct	409
CHST2	1	5'flanking region -260	agccggacagtcgcccggc G/A gtgatccggggcgctccc	410
CHST2	2	5'flanking region -56	gcgctgggaccagccggcg C/T gccgcctcggagtccggcg	411
CHST2	3	3'flanking region 218	aggagtgaacacatctttg T/A attctaaggcagaaccaa	412
CHST2	4	3'flanking region 383	gcagagacceatgttttgt G/C ctgaggctggttcagaaaaa	413

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
CHST2	5	3'flanking region 952	tactgaacattctgcagaa T/C gttatactatgagaagaaat	414
SULT2A1	1	intron 2 478	ggactgggtctgtacacac T/C tcgtctactgtgtgaaat	415
SULT2A1	2	intron 3 382	caaaacctcttaattct G/A ttctatctgtctcagaact	416
SULT2A1	3	intron 3 409	tctgtctcagaactgattgc A/G tgactctaggatcgctatat	417
SULT2A1	4	intron 5 249	agctggaattacaggcaca C/T gccaccacaccagctaatt	418
SULT2A1	5	intron 5 395	aggcatgagccacggcgccc G/A gccatttatcagctttaat	419
SULT2A1	6	3'flanking region 33	ttcctgtttaaagttacca G/C gttggccaggcacggtgt	420
SULT2A1	7	3'flanking region 46	gttaccagggttgccaggc A/G cggtgttcatgcctgtaat	421
SULT2A1	8	3'flanking region 199	ttaccaggcgcatggctc A/G tgtgttaatcccagcactt	422
SULT2B1	1	intron 2 4162	ttccccctctctcaccat C/T cgcacacagggtatctacat	423
SULT2B1	2	intron 3 879	ggggatooagctctgggg G/A ctggacctgggggtttgtgg	424
SULT2B1	3	intron 4 3882	ttcacgctccttctgtgc C/T gagtgcctcctccgctga	425
SULT2B1	4	intron 5 1780	cctgcagaagggttcctt C/T catgtccaagcagtaatggc	426
SULT2B1	5	intron 5 1814	taatgctgcagcatggagc G/A ttgtggggcattgagacag	427
SULT2B1	6	exon 6 789	ccctcttctccagggtctg C/T ggcgactggaagaaccactt	428
CHST4	1	5'flanking region -1092	atgaagccttgtgcacatc G/A ctgtctgtgccagcacctg	429
CHST4	2	5'flanking region -941	ctgccagagagaaacaggaa G/A ggaggagagccacacaatt	430
CHST4	3	intron 1 -150	caggaaatgattggagaag G/T actggtgccattgttggcac	431
CHST5	1	intron 1 -144	ggcctottaggtttcagca A/C gacaggtgactotttagcaco	432
CHST5	2	intron 2 17	caacgtaagagcgtttcca T/A tgtccagctcctttgtttot	433
CHST5	3	intron 2 139	aatccagcactttggggg C/A ggagatgtcgagtgatca	434
CHST5	4	intron 3 1829	gactgtatgtctgtattca T/C ataggacaaataalcatg	435
CHST5	5	intron 3 2037	aaatgaaccaacaacca C/G tgcagagagcaaacacaaag	436
CHST5	6	intron 3 2134	aagcagctaaattgtttcc G/A tacaggtgcaattaggcagg	437
CHST5	7	intron 3 2528	atgtaaagttcgctgggt G/A cagtatgtcagcatcctgct	438
CHST5	8	intron 3 2674	gcacttatctagaaggcc A/G ttctgaagactcagcagga	439
CHST5	9	intron 3 7039	ctggctcccgccggccacc C/T gggaccgcagccactgtga	440
CHST5	10	intron 3 7211	gtagccccaggaacacccca T/G cctcaacatcccattctggg	441
CHST5	11	intron 3 7294	ggagcttccagtgcttgg G/C acccccgactcttctgccat	442
CHST5	12	intron 4 108	gcagggtcctgcactctca G/A gggcaatcacagggtggag	443
CHST5	13	intron 4 402	agcactggaaaagtacagt T/C gcactttagcggaggtggg	444
CHST5	14	intron 4 547	ctcctgtcccgccattgagg C/G gaaggagcagagtgagatc	445
CHST5	15	intron 4 1142	gcccaggctctatagctcc C/G cattggcagtgctggattt	446
CHST5	16	intron 5 1187	cactgggcagtaattgggg A/G tgggtggggtgaggggccc	447
HNK-1st	1	intron 1 139	gtttttggcagcttgaaga C/T ctccctagtccggaggta	448
HNK-1st	2	intron 1 1020	acctgagcagaaaattctct T/C ctctgctgaaatgaaattg	449
HNK-1st	3	intron 1 1091	aagaatttgaaacatcaca G/A gcaacttgcaattatattcg	450
HNK-1st	4	intron 1 1971	ctataactattcaaacata C/T gaaacaggaataattgatt	451
HNK-1st	5	intron 1 2096	atttagaattatcatttacc A/C agaaatccaaatataacctg	452
HNK-1st	6	5'untranslated region -91	ctatccagtgaacaggaa C/A caagaacctcagttcagggg	453
HNK-1st	7	intron 2 -530	agtggcgaggcgagaagc G/A tcagtgttcatcttctgct	454
HNK-1st	8	intron 2 -466	gtacatcttgtgacccagt C/T agaattttaaacnoagcoag	455
HNK-1st	9	intron 2 -92	acggaaatattgtctgat A/T ctactgactgaatcacct	456
HNK-1st	10	intron 3 152	catggctccgttcttcat G/A ttacagaggttgaggggag	457
HNK-1st	11	intron 3 312	ccagtgcccttatgccttg C/T agcaggcgccctctcaggct	458
HNK-1st	12	intron 3 1948	tccttgatgatcaagttt T/C gtgctgaattgtttoagtt	459
HNK-1st	13	intron 3 2140	ttacacctggaggagcac C/T gcagcgttccttaactgc	460
HNK-1st	14	exon 4 187	agaagcacattcctgaggaa C/T tgaaggtgggcacagccagg	461
HNK-1st	15	intron 4 581	cctgatcattccctagctgg G/A atgaggggtgcactctggaa	462
HNK-1st	16	intron 4 615	tctggaaggccttcaotto G/C taacccccattctggatota	463
HNK-1st	17	intron 5 7	gattgttotaatgtgtgt G/A tgggtctactgaatgtccac	464
HNK-1st	18	intron 5 123	acctgaaggagctgtgtgcc G/T tccagacaggcctgtttttg	465
HNK-1st	19	intron 5 721	ataattatgggtctgttta T/C gaaatttagcttcagacagg	466
HNK-1st	20	intron 5 867	tgctcccccagagctgggt G/A tcaactctggooactgtttg	467
HNK-1st	21	exon 6 444	ccaggagcattttcttccat T/C gaggagatccccgaaaact	468
HNK-1st	22	intron 6 94	ctgagttctgaattggag A/G ttgatcggaggaccacagag	469
HNK-1st	23	intron 6 247	catgaagtgacatcatttt G/A ttaatagaatttagcaggca	470
HNK-1st	24	exon 7 696	aggaggaaccggcagagac C/G oggggatocagtttgaga	471
HNK-1st	25	exon 7 870	gagacctggaggagatgc C/T ccatacatottaaaagggc	472

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
HNK-1st	26	3'untranslated region 1110	tcaaatatctttattagacc T/C ggggctaaccaggtgaapat	473
HNK-1st	27	3'untranslated region 1178	ccacacccctcctttgagga C/T gccgggggtctccacaggg	474
HNK-1st	28	3'untranslated region 1393	ggagcatcacacagcgtta G/A gagccgttctcctcaggtgt	475
HNK-1st	29	3'untranslated region 1452	tgaggttctcctggctagtc A/G ggtggcttcacccatcact	476
HNK-1st	30	3'untranslated region 1540	gcaagggggctgctgaaatc G/C cagagacttttgagcatca	477
HNK-1st	31	3'untranslated region 1696	gggtggtggtgtccaggg G/A tcaatotttccagatccat	478
HNK-1st	32	3'untranslated region 1829	aggggaggtttttctacct G/A agaaggggagtgtctttgag	479
HNK-1st	33	3'untranslated region 2211	tccagcagtcggcctcctg G/T caacaaggtaggccctggtg	480
HNK-1st	34	3'untranslated region 2212	ccagcagtcggcctcctg C/T aaaaaggtaggccctggtg	481
HNK-1st	35	3'flanking region 1016	cacacgaaggtgtgcactca C/T ggcctgcagggcaccaggt	482
HNK-1st	36	3'flanking region 1152	gcacgtttgtcatctgtga A/C tctccagaagcagggaaacag	483
HNK-1st	37	3'flanking region 1291	gccgagacccctcagcaggt A/G gtgaagttaoagggctgogc	484
STE	1	5'flanking region -605	caggtttctaaataataat C/T gaaaggtgagtgtgtttac	485
STE	2	5'flanking region -536	taaaatttccaggtctgtt A/G agagttaaaggcaagaggtt	486
STE	3	5'flanking region -231	ccttcttcccaacccctga C/T ggaagacttgggaatttga	487
STE	4	5'untranslated region -64	tgcagcttaagatctcctt G/A gtatttgaagagatataaac	488
STE	5	intron 1 69	aaatatagaatgaaaattat G/A tattacaaagctcttaaaaa	489
STE	6	intron 1 311	caatgagaaaaataagcaag C/G aggttagaaggaggtagaat	490
STE	7	intron 1 655	tctaagaaaagtgggactat G/A agaaccctatgtatctata	491
STE	8	intron 1 671	ctatgagaaccctatgtat C/T tatatccaccatagtattct	492
STE	9	intron 1 772	aaaaggcaggttgaagatg C/A aggaagggaggtatgcagaaa	493
STE	10	intron 1 1715	taaccatcttgccttaacott A/G tcatttttagccaagtcatt	494
STE	11	intron 1 1928	aaatgatacatatttcaggaa A/G tcaaaaatctctgacttaga	495
STE	12	intron 1 1953	aaatctctgacttagatacc C/T ggcaataataatcaaatgta	496
STE	13	intron 1 2087	aattttgaagaaattgaag T/G tctgtggtttttattatca	497
STE	14	intron 1 2323	taggtatgtaggagggtoco G/C ttatatacatagtgtteat	498
STE	15	intron 2 165	tctattccatgaccacaatt T/G ttacctgtaactgaatagt	499
STE	16	intron 2 1707	cctaggaccacaacatgagac A/G taatataccatcagtaaaat	500
STE	17	intron 3 850	ggtgtccattccctcaagaa T/G ttatactttgtttacacac	501
STE	18	intron 4 1653	agtaacaggctagttagataa T/C ataaataactgaggccaacg	502
STE	19	intron 4 1899	tacatgaacttagagaatca A/G gtatgcacacacacacaca	503
STE	20	intron 4 1930	cacaccaacaataaaattac A/G cagaatgataaaagaatttg	504
STE	21	intron 5 666	ttctgcatcgttagtaacaa T/G tataaagaaaataaatgt	505
STE	22	intron 5 982	aggcaaaagcagaacctttt A/C ctacacacaacattatattat	506
STE	23	intron 7 369	agattttattctctctctt T/C ttgagttgaagaataagtt	507
STE	24	intron 7 447	caccttcaagggtaagtgg C/A aaaaaatagaattcaata	508
STE	25	intron 7 672	aetcttgcctttgaaccat A/T ctgtcagtgagagtcaggga	509
STE	26	intron 7 856	tgttacagagacttaaaac A/G gttgtcttgccttcaaacgg	510
STE	27	3'flanking region 218	cagcctcccaagtagctagg A/G ctacagacatgtgcaaccat	511
ADH1	1	5'flanking region -55	atcatgtgtggaactggaat C/T ggtgttattcaagcaaaaa	512
ADH1	2	intron 1 268	acatttgcggttaaaagcata A/G ttatttccaagctaatactg	513
ADH1	3	intron 3 442	aaatggaggtacatggcta C/A ggctgaatgagcatgacctt	514
ADH1	4	intron 6 56	tacaaottggaggtgcatt T/G aggtgcagaatatagttt	515
ADH1	5	intron 8 74	gtctagcagaaaatgaaaag G/A tggaaaggtgagaaaaatta	516
ADH2	1	intron 2 340	ctatttttaaaagcgtgcat T/C cttacataagacttaaatat	517
ADH2	2	intron 3 91	aaggcaatgagagcgaag T/G gottgcacaaaggtcaccgag	518
ADH2	3	intron 3 205	atgtattgtaccctcaacc A/G ttatgtaccagatctact	519
ADH2	4	intron 7 108	acaattgacaaggcaagatt T/C tgaacacaaatcaaaaataa	520
ADH3	1	5'flanking region -254	tgagagaagagagcaggaa C/G ttgagagaggaggagagag	521
ADH3	2	intron 2 355	tatgcattctctatattat A/G caagacaaaaattttaggat	522
ADH3	3	intron 3 32	acactcaggaacatgcctt G/A gttcaccatcacaagattag	523
ADH3	4	intron 4 6	otgcttgaanaatgagtaog C/T ttatgatgctttctttcac	524
ADH3	5	exon 5 453	agcaccttctccagtagac A/G gtgtgtgatgagaatgcagt	525
ADH3	6	exon 6 815	ttcgtttgaagtcacgtgc A/G gcttgacacatggtatgat	526
ADH6	1	intron 3 249	tgaactggaottgaaagta C/A aaatgagacaaaaatttatg	527
ADH6	2	intron 6 1072	taaccctatactgtattgc A/G tcacttttaacaggcagct	528
ADH6	3	exon 7 885	gtctgtgtgtttgtgggt G/A ttgcctgccagtgttcaact	529
ADH6	4	intron 7 1292	gttgagaacactgcctagt C/A ccgtctgtgtctagaatt	530
ADH6	5	intron 7 1616	ctatcacagaataatccgca T/C agaacactaagcagattacg	531

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
ADH7	1	5'flanking region -528	tgtgcagacacagaaagttt T/C acttaacottotacacctaa	532
ADH7	2	intom 1 361	tcagtagcatgtgtcact C/T gctgcagtagttcaatggga	533
ADH7	3	intron 3 183	aacctcaacctttagaaggc A/G aaccttacggtgtttataaa	534
ADH7	4	intron 4 76	tgaattgaattaattaatac G/A tgtatttgatgtatcaaca	535
ADH7	5	intron 6 615	tggcatagcgtaaagagact T/A ggaaaaatggaataaagcca	536
ADH7	6	intron 8 532	aagtctaaccatatcaccaa T/C ttagtatgccattgtactat	537
ADH7	7	intron 8 651	gotgotattttttcaagta G/A gccacaaaatttccttattt	538
ADH7	8	intron 8 760	catttttagatgaagaccaa T/G gttgtgaagcaataaata	539
ADH7	9	intron 8 1207	tctccacatttggtctagcc T/C acaggatcatcatattatga	540
ADH7	10	intron 8 1691	tccctcatctcattgccac G/A ctcattgctttaattcagtc	541
ADH7	11	3'untranslated region 1364	atttacattttgaaggcta T/C aattgtatcttttaagaaa	542
ADH7	12	3'untranslated region 1498	gatatagtaaatgcactccc T/C agagtaattacacttaaca	543
ADH7	13	3'untranslated region 1584	aaacactgttatgagttaa C/G ttggattacattttgaaatc	544
ADH7	14	3'untranslated region 1818	aataataacatagagctaga A/G tcatattatcatactttoa	545
ADH7	15	3'flanking region 865	tacatcaaaagaaataaatac C/T aagaaggaataaacacattt	546
HEP27	1	5'flanking region -191	tcagcactctgtgtctagct A/T aaggtttgtaaatgcaccaa	547
HEP27	2	5'untranslated region -163	gaacccatcaattccgtaca G/A attttggtgacttgaagag	548
HEP27	3	intron 1 1941	aaatttaccctaaccagcct G/C actctctgccactttctgtt	549
HEP27	4	exon 3 289	ttgtgtgccacgtggggag G/A ctgaggacoggagcagctg	550
HEP27	5	intron 4 1070	tgtctcagttcacaggatga T/C gactctttttctogaaaotg	551
HEP27	6	3'flanking region 362	ggctttgtgtgtgtcatt A/G tctgaactgggctgtctggg	552
L1CAM	1	intron 1 + 767	tttgacttcttacctgggt G/A actgtgtgagtcactctgtt	553
L1CAM	2	intron 1 + 862	gcattgggtcatgtgtatgt G/C tgagtgggctgaatgaag	554
L1CAM	3	intron 1 + 1332	cagggatgaaggagcagagc C/T gctgagaggccacacaggtg	555
L1CAM	4	intron 4 + 502	tttccctggggttttccct T/C gcattccatcctccctgagc	556
L1CAM	5	intron 18 + 147	agcgactgtatgaattccc C/A acacttcacattttataat	557
L1CAM	6	intron 24 + 221	ctccttagccccccagagg C/T cccaactttaagagcatact	558
AANAT	1	5'flanking -542	aggggtgcaggtgggtgt G/T agctggaggcagggttag	559
AANAT	2	5'flanking -263	ccccccacataagaggtgg C/G ttgtccaagactccgaggga	560
AANAT	3	intron 3 39	cgccagctccagggaggcc T/A ctgaagacagaggtcagcca	561
AANAT	4	exon 4 150	cagcggcgcgtgcggggc C/T gcgctcatgtgcaggacgc	562
ARD1	1	intron 1 + 317	cgtcgtgtctgtctggccc C/G ctccctcgggctgggcagg	563
ARD1	2	intron 6 + 322	gctctcagcatctgtctac G/A ccagggaccacacctctct	564
ARD1	3	intron 6 + 1095	aaggctccatcctgagacaa A/C aagtcaggtgtgacctgcc	565
ARD1	4	intron 6 + 1179	aggaggaaagactgtatccc A/G gggacaccctcctccactcc	566
ARD1	5	intron 7 + 159	cctcaggctgttaggcaga G/T ggctcctctaaagccagc	567
ARD1	6	intron 7 + 295	tgaooagcgcgtgaaooaga G/T gagccttgggcagaccctg	568
ARD1	7	intron 7 + 416	actaccatggaggccccac G/A acagagogotgocottgac	569
NAT1	1	3'UTR 215	aataataataataataa A/T aaatgtattttaagatggc	570
NAT2	1	exon 2 867	cgtgccaaacctgtgtatg G/A atcccttactattagaata	571
NAT2	2	3'flank 521	ccatccatactttgccacaa G/A agaaggaacatragcttat	572
NAT2	3	3'flank 573	gatttgaatcctgtggaca C/T ggggtgaattacttttaaa	573
NAT2	4	3'flank 918	attttctgtttgaattcc A/G gtatcagggtatagtttaa	574
NAT2	5	3'flank 979	actattotocottogact C/T gtgatgcotataataetot	575
NAT2	6	3'flank 1958	taoctattgaagtaagccta C/T gtcatatccacctatttgtt	576
NAT2	7	3'flank 2034	ccactgattcccagagctag T/G tcattaagaagacagtgcct	577
NAT2	8	3'flank 2201	cagattactggaggctact G/A ttgtccaccaatgcaaatg	578
NAT2	9	3'flank 2818	gggatattttgtctcttct C/G cccagtgcatgttggaacc	579
NAT2	10	3'flank 3237	atatatttccaattaaaa A/Δ caaaataaatttcogaaact	580
NAT2	11	3'flank 3386	caacaaagagatttttaaa G/A atttttaaaacaccagacag	581
NAT2	12	3'flank 3660	cagcactattcgcaatagca A/G agatgtggaatcaatctaaa	582
NAT2	13	3'flank 3973	agcagaaaaataaataatg C/T gtactaggcttactacctgc	583
NAT2	14	3'flank 4029	caaaacaaacccccatgaca T/C gagtttatctatatacaaaa	584
NAT2	15	3'flank 4118	ataagattaatatctgata C/A aaatctttgtttacagottg	585
NAT2	16	3'flank 4146	tgtttacagcttgttatata C/T tgaattatgtctgctcccc	586
NAT2	17	3'flank 4279	ttaatctgataggttggtg G/C ctttataagaaaaagaaaag	587
NAT2	18	3'flank 4323	ttgctctctcccccagtgag T/G taocaaaggaaaggccatgtg	588
NAT2	19	3'flank 4446	tcaattggcttatctgcga T/C tctggaatcaggcaatacto	589
NAT2	20	3'flank 4462	gcgattctggaatcaggcaa T/C actccatttcataaaacaga	590

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
GZMA	1	5'-flanking -462	cctcagcttgacttgccct A/G ctaattcttatataatccaa	591
GZMA	2	5'-flanking -172	agcctgcctcgtgcagtg G/C ccatcatccaccattctcac	592
GZMA	3	intron1 1949	gacataaggtctctctatc A/T gcattgatgtttgccttgt	593
GZMA	4	intron2 + 683	gactgcgtgaccaggtggaa C/T tagcctcagcatggaagggt	594
GZMA	5	intron2 + 1250	gttggtgtagtcttactag G/A ttatgaatgatagccttaat	595
GZMA	6	exon4 + 105	tgccaagttgcagggtggg G/G aggaactcacaatagtgcac	596
GZMA	7	intron4 + 696	atagagccttccctgaagaa A/G ggtgtgcagtatgcattgtt	597
GZMA	8	intron4 + 1141	ctgttcaggaggagatccgg G/A ttccaacatggtctttatt	598
GZMB	1	5'flanking + 529	gcctccgtctcacaccaaca A/G gcagatttccccaccacggo	599
GZMB	2	intron3 + 141	gagggaagattgtgcagccc C/T atcacgtgtcggggcccag	600
GZMB	3	3'flanking + 448	tttcaaggcctgtccctcc G/A atggggcaggcttctccca	601
ESD	1	5'-flanking -333	gtcttgggacagagggttg G/A gggagttgaaattaggccct	602
ESD	2	intron 1 603	gtcattctgatgggtcat C/T agggaaatgggattgagcgc	603
ESD	3	intron 1 717	tggtgtgtagaagcagcatt C/T taagcactacgtgaattaac	604
ESD	4	intron 1 1864	gotttoatgcaggattgctc G/C togtggatgtetttaggaag	605
ESD	5	intron 1 2389	ttttgggaacacgtgtctag G/A tgttaagagccagtgaata	606
ESD	6	intron 2 21	taaaactgttttattgtta T/C atgttactctgaacattgaa	607
ESD	7	intron 2 588	taaaattagtatctctctc G/A taagttcattatttaagata	608
ESD	8	intron 2 1498	tagaaaaatgtgtatcacac C/T gtaagtttcagtaattgta	609
ESD	9	intron 3 92	ctttatctagatattatagt G/A cctcattttacttttaaac	610
ESD	10	intron 3 422	gtaaaagagattacaacacaca C/T gcacacatacatatacctat	611
ESD	11	intron 3 581	egaaaaacctgagaatgaca C/T aatttatttaaagccatagt	612
ESD	12	intron 3 2270	gccagtaattacatgtagcc G/A ttacatcaaattagctaat	613
ESD	13	intron 3 2951	taatgaaagtaaatgtttca A/G cttccctaacaagaagtgaa	614
ESD	14	intron 3 3001	aaatgtcagaaatttttgt G/A cgtcagtcacacaagaag	615
ESD	15	intron 3 3096	aaggagcatcacagaaaact G/C caatgatgggcttttgtg	616
ESD	16	intron 4 2611	tctaattgtcccagttatta A/G tgggtcacatcttcattgct	617
ESD	17	intron 5 390	tctttttcatctctgttaa C/T atcaaccatacagttaaaca	618
ESD	18	intron 7 107	ttagtattggaactaaact T/C tctagtgttgagaactttgg	619
ESD	19	intron 8 1090	aaattotaactaattaaagg G/T ttatctctttagtaactaga	620
ESD	20	intron 8 1651	tataaagttgtgttaattga A/G tatatatgaataagaatatt	621
ESD	21	intron 8 2047	agaaggaaagaggccatttt G/C ttaagaatccctgagatag	622
ESD	22	intron 9 -3490	atagaaggagaggctact A/G cctccttaagtctcaggacc	623
ESD	23	intron 9 -2596	actaaggataaaaattatggc A/G tactcagtcacattggaact	624
ESD	24	intron 9 -666	aggccttaattgacattttc T/C cctcacataaagatacaaca	625
ESD	25	intron 9 -660	taattgacattttccctcca A/C ataaagatacaacatgctt	626
ESD	26	intron 10 799	ttgttaactgaagaaatg A/G caataagttccctaaagttat	627
DDOST	1	intron2 629	attctgttaagaagttctta T/C attaagaatattgtctct	628
DDOST	2	intron2 3125	gagaatataggagcttctgc G/A tatgcctgaaagtcagtcag	629
DDOST	3	intron2 3920	attactcatttaagataaa A/G tggattactgagcactgtct	630
DDOST	4	intron3 189	aotgctgtccaggggtccat C/T tggggotgagooagotgga	631
DDOST	5	intron6 185	ctgtcctctgttcgggagg C/T gtggcagcttttcccttact	632
DDOST	6	exon8 37	aactatgaactagctgtggc G/T ctctcccgtgggtttcaa	633
DDOST	7	intron9 37	tcctgccaaagaatgctgcc A/Δ aaaaacggcccaggcctca	634
MGST1	1	5'flanking-6	tctggaccotgaaocaggagg G/C gaotogtgacaanaagaaat	635
MGST1	2	intron1A+330	atcagcaggcagatgttact C/G tggcggtgaaatcaggtga	636
MGST1	3	intron1C+1428	gtaaagggaagggtgtcc T/A caactgagaagtgaagattc	637
MGST1	4	repeat	attatttgcctacotcagg G/A tttttcgggtcaagcgagat	638
MGST1	5	intron1C+2914	ctcatcaggtgtgtgcaga G/T ggggtgtgtgtgocagtot	639
MGST1	6	intron1C+4274	attgtaatagattaacaaag T/G ttatgaaagttagtgacata	640
MGST1	7	intron1C+4276	tgtaatagattaacaaagtt T/G atgaaagttagtgacataat	641
MGST1	8	intron1C+4306	gtgtacataatgtacatagt A/G tagttgaacacatagcaagc	642
MGST1	9	intron1C+4406	gatggctatatgaccaataa T/A gatacatataaatgtataga	643
MGST1	10	intron1C+4464	agaaagattgcagctgatag A/G tctcaggctaataaggacac	644
MGST1	11	intron1C+4683	aatggcagggagctggaaat G/T tacatttttaagctttaccot	645
MGST1	12	intron1C+4767	gccttctcttcagacatt C/T ccaattatacttccaatcc	646
MGST1	13	repeat	atttcaattttttttttgg G/A gggggagacagggtctcaot	647
MGST1	14	repeat	aattacctcccaaggcctc A/T tatccagatactatcacat	648
MGST1	15	intron2+2379	ttctcaaatcttattatata C/G tattcttcaacccaagttt	649

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
MGST1	16	intron2+2767	tttaactatagatgcctct T/G ctctcttctgtttgattta	650
MGST1	17	repeat	tcactgcagcctcaacctct C/T ggcctcaggtgacccctcaa	651
MGST1	18	repeat	aaaaaaaltttagatattgg T/G tactccctatgttcccagg	652
MGST1	19	repeat	ctccctatttggccaggct A/G atcttgaattcttgggtca	653
MGST1	20	intron3+1495	gtcagaaatggccttcgc G/A tctctcttgcagaatg	654
MGST1	21	intron3+2528	tttggagacaatttga G/C agagcgttccagcattotto	655
MGST1	22	intron3+2567	tcccttccatttttaagt A/Δ gaottttttttcacctct	656
MGST1	23	intron3+2731	atacacataggaacaatta A/C ctaaaaacttaagtaatat	657
MGST1	24	intron3+3288	gggtttatagtttcccc C/Δ tccccgcccccaaaagacc	658
MGST1	25	intron3+4288	ccattctatttgcactgc G/A taacacaggcgtagaagtgg	659
MGST1	26	intron3+4378	aaatgtctgtccttttggca T/C gtgtgaaggagaaactaa	660
MGST1	27	intron3+4429	attggaggtgacgatctc T/C gtgatgtggggagaaatc	661
MGST1	28	intron3+4817	attgctatagaagagagtaa C/T gtaaaagcagaaatagtttc	662
MGST1	29	intron3+6077	tttgaattagtgtctttaa T/C agttatctttttccacagag	663
MGST1	30	exon4+304(3'UTR)	aagaattctgtacttccaat T/G tataatgaatcttcttag	664
MGST1	31	3'flanking+1581	tctgtgtcgtgaacatgca C/T gctgcacgcgcacacacac	665
MGST1	32	3'flanking+1729	taigtggagcaatttgaaaa A/T agtatattctaaagcaataa	666
MGST1	33	3'flanking+3407	ggatcactgctaaagatccc G/A gagtcaactccatgtccagt	667
MGST1	34	intron1B+36	ggagaaggggaccgcatgca G/A aggtggcaggcaggagagg	668
MGST1	35	3'flanking+25	gggttaacccattttgaata T/G tagcattgccaatatcctgt	669
MGST1	36	exon4+266(3'UTR)	aaagaaaatcatacaactca G/A catccagttggcttttaag	670
SULT1A2	1	intron 4 1728	tcagcttctctcttggcaa A/Δ ccaagagatgagctggcctg	671
SULTX3	1	intron 1 6415	tgacctctccctgttagtgt G/Δ ggggcagctcttccagtg	672
SULTX3	2	intron 5 2457	ggccttaagggaagttcat C/Δ ctctctgcttccaggctc	673
PIG3	1	5'untranslated region-93	tcogcaggatcaagcggcc (CCTGY)x cagacaatagttagccgtg	674
ADH2	4	intron 7 + 108	acaattgacaagcgaagatt T/C tgaaaacaaatcaaaaataa	675
ADH2	5	intron 3 + (1721-1723)	actgcatagaatttaagaa GAA/Δ ctgttttattcctctccag	676
ADH2	6	3' untranslated +(2305-2306)	gttaatgotttccactctc AG/Δ ggggaagatttgcattttga	677
ADH5	1	5' flanking - 115	taactgctgtaaagttacac G/A ggaagccctttcccgacaa	678
ADH5	2	5' flanking - 114	aactgctgtaaagttacac G/A ggaagccctttcccgacaaa	679
ADH7	16	intron 8 + 727	ttcagatccctgtgaagccag G/A tattattttaccattttta	680
GSTM1	1	5' flanking - 694	tacgaagtggctaatttaca C/T agtacttagccagatgaccg	681
GSTM1	2	5' flanking - 661	gatgaccgaggactcagta C/T ccggggcccccataacagaaa	682
GSTM1	3	5' flanking - 658	gaccgaaggactaagtaacc G/A agggcccttaacagaaaaca	683
GSTM1	4	5' flanking - 656	ccgaaggactcagtagccga G/A gggcccttaacagaaaacaca	684
GSTM1	5	5' flanking - 537	tagagggagactaagccct G/C ggaagtagcttccagatcaga	685
GSTM1	6	5' flanking - 525	taagccctggagtagctt C/G ggtacagagggaagctctgt	686
GSTM1	7	5' flanking - 465	aattaaattcccaggttggg G/A ccaccactttttagctgac	687
GSTM1	8	5' flanking - 383	gcgagagaaggctgagga C/T accgcggcaggagaggagaa	688
GSTM1	9	5' flanking - 382	cggagagaaggctgagga A/T ccgcggcaggagaggagaa	689
GSTM1	10	5' flanking - 378	gagaaggctgagggacaccg C/T gggcaggaggagagaggag	690
GSTM1	11	5' flanking - 343	aggagagaagcgttgcctc G/A ttagatctggctggtgtct	691
GSTM1	12	intron 2 + 118	tgctggagctgcaggctgtc T/C ctccctgagccccgtgag	692
GSTM1	13	intron 3 + 233	agtgaagtcccggtctctc T/C ctgctgtgattatgggaag	693
GSTM1	14	intron 4 + 26	tgtgggtgctgcaatgtgt G/A ggggaagggtgctctctcc	694
GSTM1	15	intron 5 + 140	actatcagcagttattctca C/T gactccaatgtcatgtcaac	695
GSTM1	16	intron 5 + 577	ctgccacccattagaagga A/G ctcttactttccctgagct	696
GSTM1	17	intron 5 + 645	gctgtctggtaccagaggc T/A gccaggtgcttggcgctcc	697
GSTM1	18	exon 7 + 519	caaccgtatattgagccaa G/C tgcctggacgcttcccaaa	698
GSTM1	19	exon 7 + 528	tttgagcccaagtgcttga C/T gccttccaaatctgaagga	699
GSTM1	20	intron 7 + 2421	cagcaccgtgtagaattctc A/G taagtgttagctgttactgt	700
GSTM1	21	3' flanking + 42	atttgcctcctggccatctac C/T cagactgtctgtctgtctgt	701
GSTM2	1	intron 1 + 7	ggaacatccgcgggtgagc G/G agggctccgtggcggtggg	702
GSTM2	2	intron 1 + 45	gggacggggtgctgggg C/T ggggaagtgtggagcagctg	703
GSTM2	3	intron 3 + 70	gectgcactctctctccca G/C cttagagggtttaagatcag	704
GSTM2	4	intron 3 + 224	agoaggccctggtctctct T/C tgoccttgcattatgggaagg	705
GSTM2	5	intron 5 + 100	ttgattccttctggtgagtt C/A ttggtottgtgaototaag	706
GSTM2	6	intron 5 + 341	tcctcttgggtgttcatgg T/C ctggctggcttcaggagtg	707
GSTM2	7	intron 5 + 696	acctttagctagacacagag C/T gctgatttgcatttaca	708

遺伝子名	No.	存在位置	配 列	配列 番号
GSTM2	8	intron 5 + 723	ttgtgcatttacaatccttt A/G gctaggcagaaaagttctcc	709
GSTM2	9	3' untranslated + 1006	ctcagcccccagctgtcccc G/A tgttgcatgaaggagcagca	710
GSTM2	10	3' flanking + 139	ttctgctggcagatagaagg C/T gottgagaattottgtctccc	711
GSTM3	2	5' flanking - 144	ccaacgcccgcattagtcc G/T cctgcgcacggccctgtgga	712
GSTM3	3	intron 7 + 165	agcctaactctataccttg A/G aggcactgtctacaaaaaaa	713
GSTM3	4	intron 7 + 257	ctgttgaactgggtgggtc T/G ttataagattgggtatatt	714
GSTM3	5	exon 8 + 91	cccagtggggcaacaagcct A/G tatgctgagcaggaggcaga	715
GSTM4	1	intron 4 + 67	ttggctggattgggtgcta T/C gctcagagtgaagtctgtgt	716
GSTM4	2	intron 7 + 77	gatgctttccagctcctgga T/G ctgcataaagaataaattgc	717
GSTM4	3	intron 7 + 80	gctttccagctcctggtct G/A cataaagaataaactgcatt	718
GSTZ1	1	5' flanking - 546	agcagggcccaccagccgac C/A gcctcgaagcccgtagcc	719
GSTZ1	2	5' flanking - 321	tgtctgaccagccgccccgc T/C aaggagtcacaagagggoag	720
GSTZ1	3	intron 1 + 2890	aaaatactgcatcaaaacca G/A gccacgctctgttggggga	721
GSTZ1	4	intron 1 + 2896	ctgcatcaaaaaccagccac G/A ctctgttgggggaacacaa	722
GSTZ1	5	intron 2 + 255	ttcccaactgtctctcca A/G agcccttgccaacctgtt	723
GSTZ1	6	intron 2 + 1560	caccactgtttaagccctg G/C gggggcagagttaaacacaa	724
GSTZ1	7	exon 3 + 94	ccttgaaagcatcgactac G/A agacggtgcccatcaatctc	725
GSTZ1	8	intron 4 + 297	agaaggaggagtttctggc C/T ctgtcccctctgttccagg	726
GSTZ1	9	intron 6 + 94	tatctgaaccagocctccag G/A ctgcttggcctgacagtt	727
GSTPi	1	intron 1 + 269	ctccccgggctccagcaaa G/G tttcttggctcgtcagtt	728
GSTPi	2	intron 2 + 134	ccccgggctcctctctgtt C/T ccgcctctcccgccatgcc	729
GSTPi	3	intron 5 + 438	gtgtgtgcgcgtgctgtgc G/A tctgtgtcgtgtgtgtgt	730
GSTPi	4	intron 6 + 162	cccgcgtgctgagtcctag C/T cccctgcccctgcagatctc	731
GSTT1	1	5' flanking - 103	taaagagtgtccaggcgtc C/T gtgccgcccaatggggcaca	732
MGST1L1	1	5' flanking - 105	tgctgcgcgtgcgtgggc G/A gggcgtggcggtgctgct	733
MGST1L1	2	intron 1 + 277	ogtctgtgagagaagcag G/A ttctggagggtgagtggt	734
MGST1L1	3	intron 2 + 8030	ggggttatcacagagccctc C/G gccccaccacacatatgca	735
MGST1L1	4	intron 2 + 8499	gtatggcaggagtggggtcc C/T ggcaagccatagaggtatgg	736
MGST1L1	5	3' untranslated + 468	ogocacotgtgaocagcagc T/G gatgootccttggocaccag	737
MGST2	1	5' flanking - 46	ggtcagcattcaagtcagg A/T agcgccatttatcttccgt	738
MGST2	2	intron 1 + 176	ggcaccatgccgcctgct A/C ccctccttcccaggggcaag	739
MGST2	3	intron 1 + 204	tcccagggggaagcagagac T/C gagaacattccagagattag	740
MGST2	4	intron 1 + 373	ttacaagtgttccaaaggaa A/T cgtgcctgcttctaaccctg	741
MGST2	5	intron 2 - 3245	cclcgatattggccacctc G/A gcctccaaagtgtgtggat	742
MGST2	6	intron 2 - 1998	aggccgaggtggcgatca T/C gaggtcaggagatogagacc	743
MGST2	7	intron 2 - 1640	tgtttattccttcagatgcc A/G taatataaagtatgaattt	744
MGST2	8	intron 3 + 41	actgtgttctaagtgtact A/G tgatgcttaaacgattaagg	745
MGST2	9	intron 3 + 453	atcagagtgtctatgttcag A/G tatatgaacttggcttcat	746
MGST3	1	5' flanking - 520	acaaaaaggccctaacagcc A/C taatccattcacttcggga	747
MGST3	2	5' flanking - 355	cgccataaacgcgtacggg G/A ctctgctggggacaaattat	748
MGST3	3	5' flanking - 234	ctggggagtagatatatgt T/A ttggagaatgagaggagtaa	749
MGST3	4	intron 1 + 74	agcctttgcgcaggcactcc C/T atattcagcctatgcagc	750
MGST3	5	intron 1 + 682	agaaaaatgcccttctttat G/C tgggtgagcagcagggacc	751
MGST3	6	intron 1 + 832	cgagtttacaagctacataa T/C agcgtcggggcaagtaagt	752
MGST3	7	intron 1 + 1919	aataaaattcctgagtttct G/C tcactcgctcttacagtacc	753
MGST3	8	intron 1 + 1991	tgtaattaggcaacaggaaa A/G ttgtactatciltcaaatgc	754
MGST3	9	intron 1 + 4458	tcttccatctcctaacata T/C agttagcttccactctccaa	755
MGST3	10	intron 1 + 4676	tgaatatgcaatgcaattgt C/G ggggagatgttactttcat	756
MGST3	11	intron 3 + 278	cagcatgaccatctaaacc G/C atgttgactctcccaggcct	757
MGST3	12	intron 4 + 423	cttgcccttttgggtggg T/G gtgggtgggtcacagagaag	758
MGST3	13	intron 4 + 506	gtgcagagaagaaacaaag T/C ggggaagggtggaaggagat	759
MGST3	14	intron 4 - 162	tcacagatattttatttcc C/T gactgaaactaacttaattc	760
MGST3	15	intron 4 - 130	acttaattctacctaatttg C/G gtggggagtagttggccaaa	761
MGST3	16	intron 4 - 105	ggagtagttggccaatcat C/G aaattgttaacttttgcata	762
MGST3	17	intron 4 - 65	aacatattgtgtaatacacc C/T taggtgttaaaaaagggttg	763
MGST3	18	intron 5 + 105	atcccagcacttggggaggc G/C aaggcaggcagattgcttga	764
MGST3	19	intron 5 + 197	aaaaaatacaaaaattagcc G/A gatgtggtgtgcacacctg	765
MGST3	20	intron 5 + 222	tgtgtgtgcacacctgtagt C/T ccagctacttggaggctga	766
MGST3	21	intron 5 + 374	tcttatgtactatattttt T/C ttcttgggaatttgagaaaa	767

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
MGST3	22	3' untranslated + 517	atgacttacctttattcca G/T ttacatTTTTTTCTaaata	768
MGST3	23	3' flanking + 166	agtctgatttggtgatgta G/T gtatagtcacgacagtgta	769
GSTA1	1	5' flanking - 266	ttgcaaaaagagcaaaatct C/A ggtgaaatgtattgtgtaa	770
GSTA1	2	intron 2 + 1220	gagacacaggctttcctaag A/C tatgacaacaccataactag	771
GSTA1	3	intron 4 + 1813	aaaggcaccactggagtg A/G attatttggccatcacctga	772
GSTA1	4	intron 5 + 732	gaagagtgtgtcatgaagg T/C ggagtcactgcccaaggag	773
GSTA1	5	intron 6 + 333	ttatcccatatgtgccaca A/G tgagccggtctgagcagagc	774
GSTA1	6	3' flanking + 412	ctttottatgcatttgoaaa A/C caatgattctgtctgtg	775
GSTA4	1	intron 1 + 280	gcattgttgaagtggtgct C/T ggatcgtccccgggctggc	776
GSTA4	2	intron 3 + 176	ggaaatcactcttattcaa T/C agttccataaaagctggccg	777
GSTA4	3	intron 4 + 94	acaccacatttactttatgt C/G ttacatagttagtgagatca	778
GSTA4	4	intron 5 + 1062	cacacttgtgcacatgcaga C/T acccatgggcatccaagagt	779
GSTA4	5	exon 6 + 487	cagatgtgattttactccaa A/G ccattttagctctagaagag	780
GSTA4	6	intron 6 + 595	tgagctctgagagcaaatga G/A agatgttagcacctaaaca	781
GSTA4	7	intron 6 + 630	taaacatcaccccaaggat T/A cctaccattctccttctgag	782
GSTA4	8	intron 6 + 3943	tcttcgtagtatctaatacc T/C ttttggtagccttaaaagt	783
GSTA4	9	3' untranslated + 1099	taatacaaacgaatgtcta G/A taaatgaototcctctgagc	784
GSTA4	10	intron 5 + (370-371)	gttgtgaacagctgtctca (TA) gctgacatcctcctgataa	785
GSTA4	10	intron 5 + (370-371)	gttgtgaacagctgtctca gctgacatcctcctgataa	786
NDUFA1	1	5' flanking - 1437	agggttaaaaatcctgatta T/A acctaccttgaagcttttaa	787
NDUFA1	2	intron 2 + 3071	aataaaagtacatggcatat C/A ttgatgggaacagactgt	788
NDUFA1	3	3' flanking + 1218	aactccatgtgtataaaga A/G caccacagatgacacttcca	789
NDUFA1	4	3' flanking + 1411	ggattgtgccatcccttgat C/T/G ggcaatpaccttttactttt	790
NDUFA1	5	3' flanking + 1411	ggattgtgcaatcccttgat C/T/G ggcaatpaccttttactttt	791
NDUFA2	1	intron 2 + 1087	aacatacaaaaattagccgg A/G tatgggtggcggcacctgta	792
NDUFA2	2	intron 2 + 1089	catatacaaaaattagccggat A/G tgggtggcggcacctgta	793
NDUFA2	3	intron 2 + 1356	ttccctgaacaacacccattg T/C ggcatccagaaatcagocaa	794
NDUFA2	4	3' flanking + 467	cacagocctcatgggtcagcc C/T actccagagggtgcattccc	795
NDUFA2	5	3' flanking + 744	ggaaagcagggccctggcca C/T agccgctggcagtaagcagg	796
NDUFA2	6	3' flanking + (844-845)	tatagtctcaaaagaatgaa (ACAC) aaagatcataacaatagcta	797
NDUFA2	6	3' flanking + (844-845)	tatagtctcaaaagaatgaa aaagatcataacaatagcta	798
NDUFA3	1	intron 2 + 2656	tccctgtctgccctccctgc G/A cactttacttcccttggc	799
NDUFA3	2	exon 4 + 241	agggcccccagcctggagtgg C/G tgaagaaactgtgagcaact	800
NDUFA3	3	3' flanking + 1019	tccttacctgcactggcacc A/G gctctggagcccagtcct	801
NDUFA5	1	intron 3 + 2155	agactctagcatgtgacctg G/C aacataaggttctctagaaa	802
NDUFA5	2	intron 3 + 2493	ggcatattgctagttttctc G/T gtctcaatttcacatctat	803
NDUFA5	3	intron 3 + 2712	acaaattttgaactgtcac C/T taacacaggctttttctgaa	804
NDUFA5	4	3' flanking + 1296	aggtatctaaaaggtattgc A/C atttggctattgtgtcttc	805
NDUFA5	5	intron 3 + (30-31)	aagtcagttttgtgtctg (GATTTGTGGTATCCAG) tgtaacattt	806
NDUFA5	5	intron 3 + (30-31)	aagtcagttttgtgtctg tgtaacattt	807
NDUFA5	5	intron 3 + (30-31)	aagtcagttttgtgtctg tgtaacattt	807
NDUFA5	6	intron 3 + (427-428)	attaagtagcagttataaaa AG/Δ totagaotgctgattcatao	808
NDUFA5	7	intron 3 + (4733-4734)	tataggaaattttaaaatata TA/Δ ggatattgaaacattcagtt	809
NDUFA6	1	5' flanking - 1148	tttataatttatatagtta C/T gtgctttctttttgtatagct	810
NDUFA6	2	5' flanking - 363	actaccaaggagcgcggcg G/A cagccggatagcaggacgt	811
NDUFA6	3	exon 1 + 26	ggggagcggcgtccgccaag C/T tacttctaccgccagcacct	812
NDUFA6	4	intron 1 + 1318	attcagcagtttgaaacat A/G atgtttgacctggcagaatac	813
NDUFA6	5	intron 2 + 562	agttaaagaatctgaaaagt G/C tcagaaatgattaccctga	814
NDUFA6	6	5' flanking - (861-862)	ctgtaaaatggggatgctga (T) ggtacctacctgacctatga	815
NDUFA6	6	5' flanking - (861-862)	ctgtaaaatggggatgctga ggtacctacctgacctatga	816
NDUFA7	1	5' flanking - 731	aocaaocaaaggctctctcaa A/G ggggtgtcctctttgcacc	817
NDUFA7	2	5' flanking - 434	aaaggaaccatcagaaccc C/T gtgatgaaatgagaatccgc	818
NDUFA7	3	5' flanking - 395	gtccccgattccggctgga A/G ggggttaggggaaggtagag	819
NDUFA7	4	5' flanking - 100	agaggagtcacgtgcttcgg G/A gagagcctttataggacgtt	820
NDUFA7	5	intron 1 + 92	tcacctccctcctaagccgg G/A acccttcgtctctccccaat	821
NDUFA7	6	intron 1 + 133	ctccctgggaaccccccagct A/C gtcaccccttcagccggga	822
NDUFA7	7	intron 1 + 136	cctgggaaccccccagctag C/G accccttcagccgggaccc	823
NDUFA7	8	intron 2 + 89	tcctllagaccctgaaacg G/C agggctgacatcctgccacc	824

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
NDUFA7	9	exon 3 + 196	gccgcgggaatctgtgccc G/G cttccatcatcatgtcgtcg	825
NDUFA7	10	intron 3 + 4203	gcctccacccctggggcgcc T/G cctccatcaooooacocctcc	826
NDUFA7	11	intron 3 + 4604	gggccttctgtacgtcgag A/G ccaaaagtgggaaggaggga	827
NDUFA7	12	5' flanking - (1360-1353)	aggggtccagggtccctgct (CAGAGGCT) aacactggccgaagagaaaag	828
NDUFA7	12	5' flanking - (1360-1353)	aggggtccagggtccctgct aacactggccgaagagaaaag	829
NDUFA7	13	5' flanking - (1240-1239)	tgatagagccctgatccacc CA/Δ ctctotgaaacttotttct	830
NDUFA7	14	intron 2 + (4142-4143)	cattttgtgactgaggtgac AG/Δ gggccacacagcgggccaatg	831
NDUFA8	1	intron 1 - 75	tttgtgtctctattctgac C/T cgcagtgaggtaaaagctgaga	832
NDUFA8	2	intron 2 + 790	caaacctagacaaaagtgtgc C/T cttatccagaagtgagcag	833
NDUFA8	3	intron 2 + 900	ttcaggagataaaaagctct G/A attgctcaggcctgagatgg	834
NDUFA8	4	intron 2 + 3837	gaagttgtcttgaatgag A/G taagaatagtactcacata	835
NDUFA8	5	intron 2 + 3942	tcattgttttgcagaagat G/T cccctaaccacagctttcttt	836
NDUFA8	6	intron 3 - 66	gaggagacaccaggaggcg G/G ttgatgtttacagattcctc	837
NDUFA8	7	3' untranslated + 520	tttattcttgaccacaagtaa A/G gatgggtccgtggcccaao	838
NDUFA8	8	3' flanking + 367	gtcatacaaggaggagcctcc A/G ggatagaagtgagaaactt	839
NDUFA8	9	3' flanking + 777	attcttttttcactactagg C/T tgtttctccacatctgact	840
NDUFA8	10	3' flanking + 1053	aaagaaaaagcactgtgtga T/A ctgcacatggcgtctctgca	841
NDUFA8	11	3' flanking + 1190	gattctctaattgaaaaataa G/T acttttttttgcatttttt	842
NDUFA8	12	intron 2 + (449-453)	gttcattgtgcatgatacttaa (GTAA) aaaaaactaagctgtgtaat	843
NDUFA8	12	intron 2 + (449-453)	gttcattgtgcatgatacttaa aaaaaactaagctgtgtaat	844
NDUFA8	13	intron 2 + (707-708)	ctcattttggaagaactctc (A) accttgcgtgtacaaaaatg	845
NDUFA8	13	intron 2 + (707-708)	ctcattttggaagaactctc accttgcgtgtacaaaaatg	846
NDUFAB1	1	intron 1 + 8451	cagcacccctgtagaggcctc G/A gtagctgaagatgccatga	847
NDUFAB1	2	intron 1 + 8495	gacacaggcattctgcagac G/A ctgacaaatttagtggcag	848
NDUFA9	1	5' flanking - 807	gatggctctttgtagaacaa T/G gcagattctcaaggtgaoo	849
NDUFA9	2	5' flanking - 769	accacagttaaagaaaaaat T/C acaagccattgcgtagaga	850
NDUFA9	3	5' flanking - 353	cacacccctattttgtttct C/G ttctccacttttccctcgt	851
NDUFA9	4	5' flanking - 322	ttccctcgttcttctgcccc C/T cttttctctctcctggccc	852
NDUFA9	5	intron 1 + 447	attcatatgagcacaaatgga A/G atgataatattacaatcca	853
NDUFA9	6	intron 1 + 1039	ggcttgatgttcaggcctgag G/A caagaattaggagtgttag	854
NDUFA9	7	intron 1 + 4010	aatgtatccaaagagattc T/G cattcctgcatatgaagaa	855
NDUFA9	8	intron 3 + 49	gcacaaataaattactaag G/A tcatttttaggagtgtatgg	856
NDUFA9	9	intron 3 + 107	aatttctccagaaatggac C/T aaaggcatcctctgttccca	857
NDUFA9	10	intron 3 + 1183	atctctggtaattatctaac A/G gattatttgaatcccttta	858
NDUFA9	11	intron 3 + 1395	attcctagttcttctgccc C/T aagtttgggtcacctgt	859
NDUFA9	12	intron 3 + 2363	agaaatagtoatgaatggc C/T coaactaacactagtcttta	860
NDUFA9	13	intron 3 + 2608	gtcatttgattacctgagta A/C agtgtactgttacctgttg	861
NDUFA9	14	intron 4 + 561	attttataaattctttagat A/C cttgggggtcttattcaact	862
NDUFA9	15	intron 4 + 860	attgtgtagagtaatgacag C/T agagctgtcaactttttta	863
NDUFA9	16	intron 4 + 879	gcagagctgtcaactttttt A/T aaaaaataatttttagotaa	864
NDUFA9	17	intron 4 + 893	tttttaaaaaataatttt A/G gcttaaaaaataaaaaatt	865
NDUFA9	18	intron 4 + 1090	atcattgctgtttaaaagtt T/C aagtagtgtgaatttcagta	866
NDUFA9	19	intron 4 + 1188	aaccaatccttttattttt A/T tcttcagaaactttgatt	867
NDUFA9	20	intron 5 + 161	gggtgtgtgatgttttga C/T gttttgattgattgocottt	868
NDUFA9	21	intron 5 + 373	ctttctacccctgtgactg C/T agtggtttggccactctt	869
NDUFA9	22	intron 5 + 457	gccagggaagatgcctattc A/C cacagtgttatgtctcctt	870
NDUFA9	23	intron 5 + 3113	gattttctcctcttcaat G/A taagcttcccttaaaaaaa	871
NDUFA9	24	intron 5 + 3339	tctaaactcaaacaggttt G/A ttgggtattgttaggtg	872
NDUFA9	25	intron 6 + 414	tatagtttgccttttccag G/C atattacatatatggtaga	873
NDUFA9	26	intron 6 + 518	ctttcatttctttcatagc T/C ttagagctcatttcttata	874
NDUFA9	27	intron 7 + 974	ggattatgcgtacttggaaa A/G tacttggatagcgggtgatta	875
NDUFA9	28	intron 8 + 368	acattaattttgatggagta T/G oacaatgcctocagaggtg	876
NDUFA9	29	intron 8 + 954	gcagcaatcagttatatag T/C ctagataagaattacaattc	877
NDUFA9	30	intron 8 + 1253	tcctcttgaaattgtagata G/T gtatctacacatttctatc	878
NDUFA9	31	intron 8 + 11608	gaaaagatagatgtataat G/A accaaaaattcgtgaagaaa	879
NDUFA9	32	intron 8 + 11930	ctacaaatatattotaatg C/T gtaatoatggataagtacaa	880
NDUFA9	33	intron 9 + 1998	tgtttttcaagcctttaaac G/A gctgtggaacctgtgtc	881
NDUFA9	34	intron 9 + 2238	ccagctacttggaggctga A/G gtggaggatcactttagcc	882
NDUFA9	35	intron 9 + 2885	acagcggtctgtcttctgc A/G gttctcataggctagcttac	883

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
NDUFA9	36	intron 10 + 801	tacactaaagtgtctcttac G/A ttatacttgagaaagtgtt	884
NDUFA9	37	intron 10 + 910	tgcagactttcaggtgggta G/C gatgagggattgctgctgct	885
NDUFA9	38	intron 10 + 1180	aaaaotgagtcagaaagccc G/A tgcacagaaaacagggcgt	886
NDUFA9	39	3' flanking + 554	gtgccagcacttaggaatta T/G gacottctaatagaattctt	887
NDUFA9	40	5' flanking - (1129-1128)	taaacagtaggggcaagata (TC) gagggaacagccaagatt	888
NDUFA9	40	5' flanking - (1129-1128)	taaacagtaggggcaagata gagggaacagccaagatt	889
NDUFA9	41	5' flanking - 341	tgtttctcttctccacttt T/Δ cccctcgttctgtccccc	890
NDUFS1	1	5' flanking - 3	tcctagggggtcgtcgtgt G/G cagacagtttagcagaacag	891
NDUFS1	2	intron 1 + 445	gtgttagcaatggctcagc T/C tctgtttgttccttgttt	892
NDUFS1	3	intron 1 + 470	tttgtgtcctgtttgttt G/T gtccattgaccacgttgac	893
NDUFS1	4	intron 1 + 502	acgttagacagcattttttt A/G ttccittaacaaacgggaaa	894
NDUFS1	5	intron 1 + 557	ttttgaaaagttagcccagg A/G ttgcattgcaataaataaaa	895
NDUFS1	6	intron 1 + 5218	tatctcagaatctctcagga A/G catttagtagacagctatgc	896
NDUFS1	7	intron 3 + 1371	aagooctaaaastagatagt T/G oastgggaatgaaaaceaga	897
NDUFS1	8	intron 5 + 414	ttttgaaacagaggtcact A/G tttgtccaggtcgggttg	898
NDUFS1	9	intron 10 + 812	gagtgcggtggcgcatctc G/A atctcgggtcactgcagcct	899
NDUFS1	10	intron 11 + 233	ggaggccaagcagcgagat G/T gcctaagtgcaggagttga	900
NDUFS1	11	intron 11 + 283	ggccaacatggcgaacccc G/A tctctactaaaaatacaaaa	901
NDUFS1	12	intron 11 + 585	ctgtatgtcttaattttaa G/T taaatttgcattttatat	902
NDUFS1	13	exon 12 + 1251	gcaccactgtttaagctag A/G attcgaagaggttggtaat	903
NDUFS1	14	intron 13 + 5159	attacttttagaaaacgtgt T/C ttactgtatactcaggcata	904
NDUFS1	15	intron 14 + 250	aaaaattgttatattagta C/T accttggttcaaaaattgca	905
NDUFS1	16	intron 14 + 550	gataaagctcactatgttg C/T ocaggttatctcaactcc	906
NDUFS1	17	intron 14 + 2429	ctgaaaaatacaaaaattgc C/T gggtgtgttgcatgtgcct	907
NDUFS1	18	intron 14 + 2530	ttacagtgagccagatcac G/T ccactgcgctccagcctggg	908
NDUFS1	19	intron 14 + 2659	acacatttaattttttacat T/C gaaaaactgcagttatgtt	909
NDUFS1	20	intron 16 + 150	agaaaacatgtattcagaaa C/T aggaattcaaggttacagt	910
NDUFS1	21	intron 18 + 279	cactgtgtagcaatttatgg T/C gaattttccaaagtgccaaa	911
NDUFS1	22	3' flanking + 182	tctaggataattataattaa T/A aataatcatagtaacaatgg	912
NDUFS1	23	intron 11 + 3226	aatgtattgtctgtgcttt T/Δ aacattttgtaatagtaaat	913
NDUFS3	1	5' flanking - 194	tctgocaaagagagctagga C/T cagctcacctcacgatttc	914
NDUFS3	2	intron 1 + 46	cggggtcaggccagcagggog T/C goocagtgagagagctcct	915
NDUFS3	3	intron 6 - 439	aaagctgtgtcaaatgtact G/A ctttagatctggactgtgaa	916
NDUFS3	4	intron 6 - 280	ggtgggtgagcagtcagttc G/A gagtcctgatgtggagtg	917
NDUFS4	1	5' flanking - 439	aactgaatacagccctgtcc T/A gagggttgcaaaagtgaac	918
NDUFS4	2	intron 1 + 1829	gaaaaaaatcttaatgcc G/T ggaagaogtttttaataac	919
NDUFS4	3	intron 1 + 2057	attaatgggaaatctacat C/G taaaattcattttattgtaa	920
NDUFS4	4	intron 1 - 521	ttcattttaactaattttat T/G tcicccatttttgtaatgg	921
NDUFS4	5	intron 3 - 1259	ataaaattatgatattatta G/A tactaatatagccagccata	922
NDUFS4	6	intron 3 - 1174	aatatatataattataggaa T/C ctacagtagtaaacacatgtt	923
NDUFS4	7	intron 4 + 10682	caaatatagggcacaacott A/C otacaaaagcactaacaggt	924
NDUFS4	8	intron 4 + 12299	tttactatatagatatagg A/T atagactatagagtatott	925
NDUFS4	9	intron 4 + 12560	accataaaggtattatgca G/A gctcatctttttatataaga	926
NDUFS4	10	intron 4 + 18801	ggaaagacttgccttgccag T/C gtatccgaacacctgttat	927
NDUFS4	11	intron 4 + 19888	tcgcacagctgagaagagca A/G ggggtgtgttttcagtacc	928
NDUFS4	12	intron 4 + 20178	agaaaagatgagtataatc G/A tctaacttaccattcttaa	929
NDUFS4	13	intron 4 + 23016	ctactctgtgaaagtaaggt T/A atgttgaaacagtaattaa	930
NDUFS4	14	intron 4 + 23124	actttcttggagatggagt T/A ccagcagttgggaatgtaat	931
NDUFS4	15	intron 1 + 766	tgtgatgatttttttttt T/Δ ggctgtattaaccttcatt	932
NDUFS4	16	intron 1 + 1261	tttctttcttttttttt T/Δ gagatacattctcactctga	933
NDUFS5	1	intron 1 + 388	ccaaacatagcagcaotto C/T ggctgtaactccgggtgtt	934
NDUFS5	2	intron 1 - 13082	agtgaagcagagattgaccca G/A tgcattocagootgggcaac	935
NDUFS5	3	intron 1 - 12905	gttttcaacaaaggactcca G/T agtagtagagaagttctgt	936
NDUFS5	4	intron 1 - 12564	attttcatcacacctcaact T/G aaggtataacagccttaaga	937
NDUFS5	5	intron 1 - 12561	ttcatcacacctcaacttaa G/A gtataacagccttaagaatg	938
NDUFS5	6	intron 1 - 10561	aacaatgtgtatagtgagg C/G ggggtgtgagcaggtgtcat	939
NDUFS5	7	intron 1 - 9065	cctgatgtcctggtccag G/A gtagaccttttcccttaga	940
NDUFS5	8	intron 1 - 8871	tcaccagtgctctgtagata T/C aggaccgcagaccttcgctt	941
NDUFS5	9	intron 1 - 7312	aatccttggctcttagaat G/T ggtcactgatggtatataat	942

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
NDUFS5	10	intron 1 - 6827	aacctctgctcccccattc A/G ccgcatctcctgcctcagc	943
NDUFS5	11	intron 1 - 6725	agtagagacggggtttcacc G/A tgttagoagcatgtctcg	944
NDUFS5	12	intron 1 - 6631	aggcgtgagccactgcgcgc G/A gcctagaccttctcttata	945
NDUFS5	13	intron 1 - 6531	cccaacagctcccaatgtaa A/G acagatctattatattctg	946
NDUFS5	14	intron 1 - 6346	gcaacagatcttgacctata T/C cccataggtacagctgagg	947
NDUFS5	15	intron 1 - 6327	atcccatagggtagcagctga G/C gactttaatcagaaaaggag	948
NDUFS5	16	intron 1 - 6122	tagccttgctttactctac T/C gttcctcccaaatcacacc	949
NDUFS5	17	intron 1 - 2512	acaaactcttaatgcgaatt T/C tgcagatcaaagtggtcta	950
NDUFS5	18	intron 1 - 1945	tttaatctccttaaatctc G/A caatttcacacacacaggta	951
NDUFS5	19	intron 2 + 75	tttttttttttttgagac G/A aagtcctactctgtccct	952
NDUFS5	20	intron 2 + 148	ctgtagcctctgcctccag G/A ttcaggcgattcgcgtacct	953
NDUFS5	21	3' flanking + 150	cagattcaagtggttctcct G/C cctcagcctcccaagtagct	954
NDUFS5	22	intron 1 - (10682-10681)	attataaacactaaacaaac AT/Δ gtgtgctcttttagagggg	955
NDUFS5	23	intron 1 - 10272	aggaacaagtgactaccctg A/Δ aaaaagaagagatgaacaa	956
NDUFS5	24	intron 1 - 2069	accagacagattccottta C/Δ ttgttttcctgtggcaaga	957
NDUFS6	1	intron 1 + 26	ggcgcgtgggtacaggatgc A/C ccttctccagccgcacctc	958
NDUFS6	2	intron 2 + 1076	ggatcatgtgtgtggagagg G/A gcttgtgtgtgtgtgtgt	959
NDUFS6	3	intron 2 + 1260	cagttctcagtaagtgtgt T/C atagggttaagtgtctttct	960
NDUFS6	4	intron 2 + 1413	caaaaggagctcatgacctg C/T gaatgggacatttctccgt	961
NDUFS6	5	intron 2 + 1568	tggagaagggaggtttctc T/C tagtggatgcggtatgt	962
NDUFS6	6	intron 2 + 1692	gacgtgtgtgacggaggttt C/T ctggcatcgtatgggtgt	963
NDUFS6	7	intron 2 + 6488	tagcttaataattattggc A/G ttcattgtcagaatgcctga	964
NDUFS6	8	intron 2 + 6563	tttaaacctttattttaaat G/A tccatgaatgggtcggat	965
NDUFS6	9	intron 2 + 6740	aaagatttaaacctacatat C/T ttatgcccaatcattgat	966
NDUFS6	10	intron 2 + 6832	gcgagggactcatttacag A/T ggttggacacttcaactgt	967
NDUFS6	11	intron 2 + 7054	ttcactgccggagcttggcc G/A tgtgaaccggagccggct	968
NDUFS6	12	intron 2 + 7186	ggtcagggtcacccttgagc T/C gcgcacactaaatgacggga	969
NDUFS6	13	intron 2 + 7225	ggggcatcccgctcagtc G/A ccagtgctgagggctcagca	970
NDUFS6	14	intron 2 + 7810	cttcactctgtgggcgggga C/T gctgtagaaggagcacaaag	971
NDUFS6	15	intron 2 + 11080	gtaactgtcagtgctttct C/T ctttggatttcatgtaaat	972
NDUFS6	16	intron 2 + 11657	gggacagaacgatgtgtgg G/A gagaagagggcgtggcagag	973
NDUFS6	17	intron 3 + 208	cgaaaaccocctttcaactg T/C gaagtgtgggcggcatgt	974
NDUFS6	18	intron 3 + 1031	ctagagtggtactgggcacc C/T ggcagtgccctcctgggt	975
NDUFS6	19	3' flanking + 270	gttcagagagccaaagtg G/C tcttgagtgcatagtgaag	976
NDUFS8	1	5' untranslated - 45	agtgtagcctccgctcccg A/C ttgactggcctgtcttgcac	977
NDUFS8	2	intron 1 + 163	aggtgcagcggggagccggc T/C ctoaggogoaatgocggcc	978
NDUFS8	3	intron 3 + 123	tctctgagcctgtttccact T/C ttaaatgattatgtgatg	979
NDUFS8	4	intron 6 - 505	aggcaaggcagggccggcac G/A gttgctcacgcttgaatcc	980
NDUFS8	5	3' flanking + 491	ggcctgagctagcctgct G/A cagccacatcctctttcctg	981
NDUFS8	6	3' flanking + 693	ttcacttcatttgacgtgag G/A aaaccagctccgagagtgga	982
NDUFS8	7	3' flanking + 1267	ttttccagacgtaacccgc G/A tcagagcgtggcatggagcc	983
NDUFS8	8	3' flanking + 1362	cgctgggtcttttcccttac C/T gtgtctccaggcaattac	984
NDUFS8	9	3' flanking + 1449	tgtcagaacaggcctatggc G/A cccaaccacaagtccccaa	985
NDUFS8	10	3' flanking + 1572	cagccccacaggcctgtgt C/A gctgtgtgggcttagggat	986
NDUFS8	11	3' flanking + (783-784)	cagagaccttgacccccccc (C) atctaccatcatttccaaaa	987
NDUFS8	11	3' flanking + (783-784)	cagagaccttgacccccccc atctaccatcatttccaaaa	988
NDUFB3	1	5' flanking - 1439	ttaaaagttgactttttct G/A cgggcaagggtgctoaogo	989
NDUFB3	2	5' flanking - 1436	aaagttgactttttctgcc G/A ggcacggtggtcacgcctg	990
NDUFB5	1	5' flanking - 213	ggcggatgaactctctotac A/C aagaaggccaaacggcgg	991
NDUFB5	2	intron 1 + 6288	ggggatgttgattacctagg T/C cagtaaaagtaaaagagcat	992
NDUFB5	3	intron 1 - 1581	cttctggccactgtatct A/G tttcttccctgtttaccct	993
NDUFB5	4	intron 1 - 1487	ccctcttagacctatag T/G tctagcataggtctgcaca	994
NDUFB5	5	intron 2 + 556	ttgtctggaccatctgccac G/A gtatataaagctotgaatca	995
NDUFB5	6	intron 3 + 467	ggcgcatcgcactccagcc C/T gggcaacagagtgaactct	996
NDUFB5	7	intron 3 + 497	agttagactctgtcccccc G/G caaaaaaaactataatcct	997
NDUFB5	8	exon 5 + 397	atgatagctcgtaaaagata T/C atgaagaacaatggcctgc	998
NDUFB5	9	intron 1 + (231-215)	attagcatttctaaaaggt GTT/Δ attcaccatcccaattaatg	999
NDUFB7	1	intron 1 + 68	ctgaacacactggcaccaca G/A ggtggaoaocccaggctgg	1000
NDUFB7	2	intron 2 + 266	gggtctcttagggcctgtt T/C gatggggacagggcaggtg	1001

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
ABCA1	1	5' flanking - 278	gggcccggggcgggggaagg G/C acgcagaccgcccggaccctaa	1002
ABCA1	2	5' flanking - 99	acataaacagaggccgggaa G/C gggcggggaggaggagag	1003
ABCA1	3	intron 1 + 159	gcgggtgtaaatggggagac G/T atgtcctagtacgagctctg	1004
ABCA1	4	intron 1 + 506	gaattggctatatgtctccc G/C ggaotggagcggcacagtcc	1005
ABCA1	5	intron 1 + 5897	gtacaaaacccttagcttt T/G gcaaacctccttaagacc	1006
ABCA1	6	intron 1 + 5929	ttaagaccgatttaaatgc C/T tccctctcatgaagctctt	1007
ABCA1	7	intron 1 + 5962	aagctctctggtaccactc T/C tcccatcactaagtigaaa	1008
ABCA1	8	intron 1 + 5985	ccatcactaagttgaaagt A/C agatccctctctcttactt	1009
ABCA1	9	intron 1 + 11416	ttacagtgcctcttatagga G/A agaaagaagaattgtgtct	1010
ABCA1	10	intron 1 + 11935	ttctctggagcaaatagag G/A gctgtctgacacttggtcc	1011
ABCA1	11	intron 1 + 12281	gaatgttgattgtgaaaa T/A cttaataacagtagttttt	1012
ABCA1	12	intron 1 + 12924	gtgctgacaatcttatactc T/C aggttgaacctccggggaag	1013
ABCA1	13	intron 1 + 13002	gagctcaatocagattct C/G tctagctcaatgaagttaa	1014
ABCA1	14	intron 1 + 17715	ggagcatgactttgtggaag C/T ctctctcttccaccagag	1015
ABCA1	15	intron 1 + 17848	gaggctgactgtaccctt T/C gataggagcccagcactaaa	1016
ABCA1	16	intron 1 + 21384	gtgggtgggagggaattggag G/C aggaagcttgctaaagtgtg	1017
ABCA1	17	intron 1 + 22145	gtagcttcaaatcaacgaa C/G tgattcctggagagcagctt	1018
ABCA1	18	intron 1 + 23063	ggaggcacctgtgacacca G/A cggagttagggggcggtgtg	1019
ABCA1	19	intron 1 + 23131	agtgtgcatatgtgtgacc G/A tggagctgtttgtcgtt	1020
ABCA1	20	intron 2 + 156	ggacacaggacgtgtgtgtc T/C ggaatggcatgtggcttat	1021
ABCA1	21	intron 2 + 384	gctgtgggtgaagtgtgta A/G tggcccccactcttagagatc	1022
ABCA1	22	intron 2 + 1081	agtgcagccaaaattgcaaa G/A tcataccattcaaatata	1023
ABCA1	23	intron 2 + 2801	aagaaaagtattatttca A/G gtgtctgatgcttagattgt	1024
ABCA1	24	intron 2 + 2830	tgcttagattgttagattg C/G aaagatctggcttgcactt	1025
ABCA1	25	intron 2 + 2856	ctggtctgcactctgtaca A/G ctgacagaactgggctcag	1026
ABCA1	26	intron 2 + 3187	tgatagctgttgctgcagc A/G tacggacgttcattgocag	1027
ABCA1	27	intron 2 + 3190	tagotgttgctgcagcata C/T ggacgttcattgocagctc	1028
ABCA1	28	intron 2 + 3194	tggtgctgcagcatacga C/T gttcattgocaggttctgt	1029
ABCA1	29	intron 2 + 3204	agcatagggacgttcattgc G/A cagttcctgtctcctgagat	1030
ABCA1	30	intron 2 + 3401	acataaagctgtgtgtgc T/C gccaggaaactagaacgc	1031
ABCA1	31	intron 2 + 13927	gtcacacatacctgpcact A/G tgctaaggctgggaatgcag	1032
ABCA1	32	intron 3 + 4163	ccagcccacttcatattacc G/A tagttacctccttagat	1033
ABCA1	33	intron 3 + 4262	tgtcaaaagggaactaagga T/C gccagggaactttctgcttag	1034
ABCA1	34	intron 3 + 4306	ccctctcactctctccaa C/T gctggtatcatgaacccat	1035
ABCA1	35	intron 5 + 240	gacagaagaagaagtcocag G/A gaagaatactacagacttg	1036
ABCA1	36	intron 5 + 490	gatgggcatttgaacttgt G/A totttaaaagtgaatott	1037
ABCA1	37	intron 5 + 583	tatctgggagtggtcattt T/G ctgactgaggcattggtgc	1038
ABCA1	38	intron 5 + 1051	ggctacaaaactgtgcttcc C/T ttgggcagtaaaaggcga	1039
ABCA1	39	intron 5 + 3051	tagagaacaagtctaatct G/A ttctccttgaatagtcgaa	1040
ABCA1	40	intron 5 + 3127	aagtcactgatttttaggc A/G aaatggcctccttctctt	1041
ABCA1	41	intron 5 + 5924	ctttttttacaaaattgcc C/T cccagagctttctggagg	1042
ABCA1	42	intron 5 + 6831	ccagtcctcagccttgcca T/C tgcttatgtgtctggaaa	1043
ABCA1	43	intron 5 + 12678	gotacccgtctgtctaccc G/C accctctggccatctctct	1044
ABCA1	44	intron 5 + 14214	cagcttggtccagaggcct G/A gacctgggtccagaggctc	1045
ABCA1	45	intron 5 + 14257	gtgtgtcccggttggtc C/T cagaggootggatgtgtgc	1046
ABCA1	46	intron 5 + 18078	cctaccacaccatgcagtg C/T acagccaagggttggact	1047
ABCA1	47	intron 5 + 18795	ctgggtctctctggacctg G/A ccagctaaaaggaaatctcc	1048
ABCA1	48	intron 5 + 18948	gcattgtgtgtactaagaac G/A catattccctatcctatagg	1049
ABCA1	49	intron 5 + 19053	ctccccaacattaaaagt T/C aaggatgcttattcaaat	1050
ABCA1	50	intron 5 + 19148	ggcccaagaactgcatttt C/A gcatgctccctaaatgaagc	1051
ABCA1	51	intron 5 + 19229	atgctaacagtgtagagta C/T atgtgatgggaagcatcagg	1052
ABCA1	52	intron 5 + 19405	cttgcctcaattattctgtc T/C atataactcaatattactga	1053
ABCA1	53	intron 5 + 19534	catgtgacctcttagctcc G/A cggattaactcctgtcctca	1054
ABCA1	54	exon 6 + 474	gaaacottctctgggttoot G/A tatcacacctctctctccc	1055
ABCA1	55	intron 6 + 210	gcaacctgggtcatgggcc A/C gctggttaaaataaaattga	1056
ABCA1	56	intron 6 + 334	acagttctgaggcaataacc G/A tggtaagggttattgatct	1057
ABCA1	57	intron 6 + 2288	cttctttcaagcttgggt C/T cactggaccagctatgaagt	1058
ABCA1	58	intron 6 + 2322	atgaagtagaatgttagg T/C ccagaaaggcaattaagtaa	1059
ABCA1	59	intron 6 + 2820	gtgctttgatacttctgag T/G ttcagtaaaagacctgatg	1060

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
ABCA1	60	exon 7 + 656	tgagctttgtggcctaccaa G/A ggagaaactggctgcagcag	1061
ABCA1	61	intron 7 + 416	catcataaagatgacattgt G/A ggctgtcacagttggaaggc	1062
ABCA1	62	intron 7 + 471	agaccacactatttagctta C/T ttgtaataacattgcaag	1063
ABCA1	63	intron 7 + 504	ttgcaagaaaaattccgac G/A aagtttttcagcctaggaa	1064
ABCA1	64	intron 7 + 679	gctctggtagaaattcctc G/C ctaccccaaacatcatcatt	1065
ABCA1	65	intron 7 + 1740	acaaatgctcacccttcag C/T tggaaatgattgaaatttgg	1066
ABCA1	66	intron 7 + 2122	tgattaagggtggctactacc A/G ggtgctttctgcatactc	1067
ABCA1	67	intron 7 + 7753	taggaattccaagctgtgaa T/C ttttactgaagctcttgg	1068
ABCA1	68	intron 7 + 8973	atggaaattgtttatattg A/T ctacagattgccaatattat	1069
ABCA1	69	intron 7 + 8976	gaaattgtttatattgact A/G cagattgccaatattattag	1070
ABCA1	70	intron 7 + 11327	ctaacaatcttatttcatt G/C agtccttataaaagaagtgg	1071
ABCA1	71	intron 7 + 11738	ctgacgtttaaggagaccg C/T gtaggtccctttgaggactg	1072
ABCA1	72	intron 7 + 12295	agtcgtaaattattgttct T/A tttttcttttagcttatgct	1073
ABCA1	73	intron 8 + 387	tagcaaggccaatcattta C/G caacacacatgcttctaac	1074
ABCA1	74	intron 8 + 697	ggaactgtctggtgtccccc A/T gcataggaagctgagccagg	1075
ABCA1	75	intron 8 + 1312	attgctctgcagatccctc G/A cagccctctgtccctgttc	1076
ABCA1	76	intron 8 + 3036	ctttatgtgggaagaaatt T/G ttttttgattgggagtg	1077
ABCA1	77	intron 8 + 3176	aaatggcctggtctctgtc C/A cctttctgtctgtatgcctc	1078
ABCA1	78	intron 8 + 3364	ggcagaaggcaagattagg A/T cctagagagtgctggaccac	1079
ABCA1	79	intron 8 + 3373	caaagcttaggacctagaga G/A tgcggaccacgccactcac	1080
ABCA1	80	intron 8 + 3561	caggatttattaatgatt C/A ttgtgaaatgtttgaaata	1081
ABCA1	81	intron 8 + 3654	agtccgggaatacatttgoa T/C gtaagaacgaacgctgctg	1082
ABCA1	82	intron 8 + 4715	ggcagagggtctcagaatc C/T gcatttccaacaatgtctcc	1083
ABCA1	83	exon 9 + 936	cgtattgtctcgggcatcc C/T gaggaggggggctgaagat	1084
ABCA1	84	intron 9 + 2309	ccctcaagagtcagttta A/G tgttggtcatgttagttg	1085
ABCA1	85	intron 9 + 2392	atgggagggtctgtgttca T/C gaaacattttccagatca	1086
ABCA1	86	intron 10 + 228	tgggatgggaggactggc A/G cagggtctgtgtatgggt	1087
ABCA1	87	intron 10 + 319	ttctgcgtccctggctccc C/T acctgactccaggtgaacaa	1088
ABCA1	88	intron 11 + 377	gaaagaagtgtggagaaaa A/C gcatgatgttacatgtagac	1089
ABCA1	89	intron 11 + 521	agtgtcttagagacaattg G/A ttcaaatgtggagcaggctg	1090
ABCA1	90	intron 11 + 2850	ctctatacaatcattatgct G/C ccattgaaataataatata	1091
ABCA1	91	intron 11 + 2976	ctccaattcggtagaaccag A/G gcttcatcttctctgtcgaa	1092
ABCA1	92	intron 11 + 3056	gtttgcagctgctgttttc C/T ggcagcacatctgtgcaggc	1093
ABCA1	93	intron 12 + 340	ggcattattttgaaactta T/C ctaaaatcgaattcgggtcc	1094
ABCA1	94	intron 12 + 381	aattaaattttgaaatttt A/G tattaaaaattatattagta	1095
ABCA1	95	intron 14 + 1728	caggctcagaggccttgccc C/T atcacccctggctcacgtgtg	1096
ABCA1	96	exon 15 + 2040	atgggccttggaacaacagcat C/A ctctgttttagctgttcat	1097
ABCA1	97	intron 15 + 1382	cttttagacagaaaagtac G/A tgggatattatctccacag	1098
ABCA1	98	intron 15 + 1453	tatataaggagaaaccagt G/A aatttaoatattgagaac	1099
ABCA1	99	intron 15 + 1567	ttctgcgtagttttggtaa G/A tcacttatcttcttaggat	1100
ABCA1	100	intron 15 + 1617	cagttgctcatcagaaaga T/A gaacagcattacgctctgc	1101
ABCA1	101	intron 16 + 95	agttgagaaacagaagatg T/A gtcttttccaatgggacatg	1102
ABCA1	102	intron 16 + 452	tggtgttttgccttagta G/A ttttctgaactaagcacac	1103
ABCA1	103	intron 16 + 657	ctgttgccctcagttgggt T/C cataggcatcagcagcccca	1104
ABCA1	104	exon 17 + 2473	gotttoaatotoaacacttg G/A totocatgatgotgtttgac	1105
ABCA1	105	exon 18 + 2649	ggttocaaccagaagagaat A/G tcagaaagtaagtgtgttz	1106
ABCA1	106	intron 18 + 1730	tgaaggttcaagcgcagtgc C/G ctgtgtccttacactccact	1107
ABCA1	107	intron 19 + 426	aggacottacagtgggtagt A/G toaggaggggtcagggtg	1108
ABCA1	108	intron 19 + 468	aaagcaccagcgttagcctc A/G gtggttccagcacgattcc	1109
ABCA1	109	intron 20 + 876	ccctcctcatctaaagtga C/T acatggggctcatgtgcagg	1110
ABCA1	110	intron 22 + 118	catgggtaactttctgtta T/G cecagaagagataaaggga	1111
ABCA1	111	intron 22 + 560	aaagctttgccaattctagg G/A tcatagccatacaggtgaa	1112
ABCA1	112	intron 23 + 102	accccttttgcocatgttga A/G ccaccatctccctgtctgt	1113
ABCA1	113	intron 23 + 287	gtoaaagaaaagagacttgt C/T aagaggttaagagccttggt	1114
ABCA1	114	intron 23 + 1063	acctttcaccctcagggaac G/A aggtgttccacagggcacac	1115
ABCA1	115	intron 25 + 321	ctcttacttaagtacagt T/G gaggaacagcggcatcagga	1116
ABCA1	116	intron 25 + 376	gttagaattcagcaacttg G/C gccagctcagacctactga	1117
ABCA1	117	intron 25 + 478	catacataggaaatgacaaa C/T gtttatggatggatagtta	1118
ABCA1	118	intron 25 + 579	tcatttaattctcaaaaaa G/T atgaaaaatgaacactcag	1119

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
ABCA1	119	intron 27 + 153	aatggtaaaagccacttgtt C/T ttgcagcatcgtgcatgtg	1120
ABCA1	120	intron 28 + 1058	actatcatggagagataatga C/T tatggtgtccatgattgga	1121
ABCA1	121	intron 28 + 1317	caggaccacagtggtctgagt C/T accctgaatgtgagcactat	1122
ABCA1	122	intron 30 + 372	tatatgatttttaggtttt T/C ttatcagcttcttcgtttt	1123
ABCA1	123	intron 30 + 506	oottttaaaagtaagcagt A/G gataaataaattcagtgaa	1124
ABCA1	124	intron 30 + 1033	ctggatttcagtggtccttt G/C attttccacatgaaggtgt	1125
ABCA1	125	exon 31 + 4281	tcttccctttgcagagacac G/A ccttccagggcagggagga	1126
ABCA1	126	intron 33 + 626	ggctcctgttactgatttc C/T gtctttctctctgccttt	1127
ABCA1	127	intron 33 + 719	taatagccctcatgctagaa G/A ggagccggagcctgtgtata	1128
ABCA1	128	intron 33 + 726	cctcatgctagaaggagoo G/A gagcctgtgtataaggcag	1129
ABCA1	129	intron 33 + 889	ctttcctcaatgtctcagct A/G tctaactgtgtgtaatca	1130
ABCA1	130	intron 33 + 1097	ctgtgcacccactgtctgg G/C ttttaatgtcaggctgttct	1131
ABCA1	131	exon 35 + 4760	tatgacaggactggacacca G/A aaataatgtcaaggtaaacc	1132
ABCA1	132	intron 35 + 234	aacctatctaaccctcagtt T/C cctcatctgtgaaatggaga	1133
ABCA1	133	intron 37 + 411	aactctgtacatttatcag C/T agottatocattcattgca	1134
ABCA1	134	intron 37 + 1224	caggcataggtgattcagag A/G tgaagggtcaagtcctgaa	1135
ABCA1	135	intron 37 + 1720	aaataaaattactctgact G/T ggaatccatcgttcagtaag	1136
ABCA1	136	intron 40 + 251	tgaaggtaaggaaaatagt T/G tatttgccttgatccactgg	1137
ABCA1	137	intron 40 + 252	gaaggtaaggaaaatagt T/C atttgccttgatccactggc	1138
ABCA1	138	intron 40 + 319	agcactggaaaagtcaaacc A/G taactttgagaattaggtga	1139
ABCA1	139	intron 40 + 957	ctgttactctttttcctt G/C tcatgggtgatagccatttg	1140
ABCA1	140	intron 41 + 146	tgatgtggcatcccgagc C/T cctcctcctcccatcctgga	1141
ABCA1	141	intron 42 + 239	cattggttttatgottac A/C ttatgtgttagttatcaa	1142
ABCA1	142	intron 42 + 321	aataaatggttgattttgag T/A ttgatttcatagtccaaaa	1143
ABCA1	143	intron 42 + 322	ataaatggttgattttgagt T/C tgagtttcatagtccaaaa	1144
ABCA1	144	intron 42 + 533	agatgaaaattatgtatag G/A ataataatgatacagttct	1145
ABCA1	145	intron 42 + 546	tgtatagtataatgaatgat A/G cggttctaaaaagacaggtt	1146
ABCA1	146	intron 43 + 739	tacagccacacttaaaatgg T/A cccattatgaatacatatt	1147
ABCA1	147	intron 44 + 18	taggtgagaaaagaagtgcc T/C tgtattttgctgcaaagact	1148
ABCA1	148	intron 44 + 264	acaatataatttctgttt T/C ttaagagtataatttagta	1149
ABCA1	149	intron 44 + 279	tgttttttaagagtataatt T/C agtgatttttgtaaattga	1150
ABCA1	150	intron 44 + 508	tttaccattgctacataaaat C/T ccccatgtacatgtaccta	1151
ABCA1	151	intron 44 + 1477	gatctcctctcctgtctctt A/T catttttcagtagcaatgt	1152
ABCA1	152	intron 44 + 1665	tgggtgaagaactgatttg G/A ttggtatagctgtgaggcc	1153
ABCA1	153	intron 44 + 1956	gtgtgtcacactcaaaat T/G tctgggcttctcatttgg	1154
ABCA1	154	intron 45 + 68	aatatataccttatggcttt T/C ccacacgcattgactcagg	1155
ABCA1	155	intron 46 + 808	ttatactgacttcaatagag G/C ttccagacaaaagtgttt	1156
ABCA1	156	intron 47 + 336	ttcacaattgtaaacaccac T/C acactgaacagcatcctccc	1157
ABCA1	157	intron 49 + 55	agggtgtgattcctgoooo G/C acaatcccgcccataggtcc	1158
ABCA1	158	3' UTR(exon 50)+7949	aacaaaaatttgggtgtctc C/T aggcacgggaaacttggttc	1159
ABCA1	159	3' UTR(exon 50)+8226	aggagccactgttaacaata C/T tgggcagccttttttttt	1160
ABCA1	160	3' UTR(exon 50)+8682	aacttctccacttttcca G/A aatttgaatattaacgctaa	1161
ABCA1	161	3' UTR(exon 50)+8697	ttccagaatttgatattaa C/T gctaaagggtgaagacttca	1162
ABCA1	162	3' UTR(exon 50)+9097	aactattttgaagaaaacac A/G acatttttaatacagattgaa	1163
ABCA1	163	5' flanking - (1033-1032)	tgacttaaatatttagacat (AT) ggtgtgtaggcctgcattcc	1164
ABCA1	163	5' flanking - (1033-1032)	tgacttaaatatttagacat ggtgtgtaggcctgcattcc	1165
ABCA1	164	intron 5 + 6368	ttctgtgggtgtgtgtg C/Δ tgagaatcatgactgggtgg	1166
ABCA1	165	intron 5 + 9709	cattttctgtctgaacccc T/Δ caccattcaggcagctgct	1167
ABCA1	166	intron 5 + 13816	tccctactctctctttttt T/Δ catttgctcctccaccac	1168
ABCA1	167	intron 10 +(270-271)	ctttcaggaggagagccaaa (G) cgctcattgtctgtgtct	1169
ABCA1	167	intron 10 +(270-271)	ctttcaggaggagagccaaa cgctcattgtctgtgtct	1170
ABCA1	168	intron 20 +(611-612)	tttagccatctctctctct (C) gccaccctcctattggagg	1171
ABCA1	168	intron 20 +(611-612)	tttagccatctctctctct gccaccctcctattggagg	1172
ABCA1	169	intron 32 +(391-392)	gagtgccttgggtactctct (T) gatggggactccatgataa	1173
ABCA1	169	intron 32 +(391-392)	gagtgccttgggtactctct gatggggactccatgataa	1174
ABCA1	170	intron 37 + 847	gctgtatatttgaatgtcc C/Δ gttttcaaaagcaagccaa	1175
COMT	1	5'flanking - 1287	cgtatgatattccooattot G/A agtcagaaatccatgaaat	1176
COMT	2	5'flanking - 1217	tgtgagtatgggaaggggaa G/A cttttctgtctgtgtcccc	1177
COMT	3	5'flanking - 503	caggggctccaggagagaa G/A tgtgtatcctccattgctc	1178

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
COMT	4	5'flanking - 425	gagaagttgggaagctctggc C/T agtgggcccgtgcctggtg	1179
COMT	5	5'flanking - 277	cccagccccagtttccccac C/T tgggaaggggctacttgtg	1180
COMT	6	intron1 + 12058	ctggcccatggaaggagg G/A agggggccccgacggggcca	1181
COMT	7	intron1 + 12070	agggaagggggggggcccg A/G cggggccacagtaaaggagt	1182
COMT	8	intron1 + 18831	tgtgtatgttcttgtaaac C/T agcccttggtcttacatc	1183
COMT	9	intron2 + 832	cctctccttggccaccct G/C actacccccaaactccgggce	1184
COMT	10	intron3 + 90	ggagaagctgttatcacccc A/G ttccaggggctgggaacc	1185
COMT	11	intron3 + 425	ccccaaagtggtggcttgg T/G gattcagagaggcagctct	1186
COMT	12	intron3 + 671	ggctcctgctcttgggaga G/A gtgggggcoctgcctgggg	1187
COMT	13	intron3 + 676	ctgctcttgggagaggtgg G/T gggccgtgcctgggatacca	1188
COMT	14	intron5 + 75	tcagocctcagcctccaaa G/C agccaggcattccagtagag	1189
COMT	15	intron5 + 310	accagacaccagggcagaaa C/T ggcacaggaccaaggagatg	1190
COMT	16	intron5 + 346	agatgggtgggaaaggcc G/A ctctggggccagcctgctct	1191
COMT	17	intron5 + 3023	aaggcagocgcctgctcaa G/A gcttaggcattgtcctcct	1192
HNMT	1	5'flanking - 211	cagaggcagatgacagtctt C/T cgtaaagatttcaactgctg	1193
HNMT	2	intron1 + 5409	aatataactgatataattgg A/G acatttcatgttggcctagt	1194
HNMT	3	intron2 + 2561	cacttgctgtggacaagaa A/G agaaggcctacaagaaaaag	1195
HNMT	4	intron2 + 2895	caatcagaaatgaagaaa A/C ctccaagaaaaatttaagt	1196
HNMT	5	intron2 + 3977	accaaacttggagtgtaa G/A ttatgcatgtatgttcatgt	1197
HNMT	6	intron2 + 5296	ttacatagtgtgttggag T/C cccaggattttatttctt	1198
HNMT	7	intron2 + 13317	caaccctcatgaattcttag C/T tgggatgggtocctataaca	1199
HNMT	8	intron2 + 14682	gtagttagoaaatgagttc A/Δ ggagagatttaatacccta	1200
HNMT	9	intron2 + 15406	gtctatgcattcatgcatcc G/A tctaaccagctgtctaccta	1201
HNMT	10	intron2 + 28943	atgtgacttaacttcaggt A/G tatcaatatcccttgaatgt	1202
HNMT	11	intron4 + 49	cagaaagaagacttttcaga A/G tatatatataatgaatct	1203
HNMT	12	intron4 + (1942-1943)	tttgagaaaaatttaaggta (A) tcttctatggccacttcca	1204
HNMT	12	intron4 + (1942-1943)	tttgagaaaaatttaaggta tcttctatggccacttcca	1205
HNMT	13	intron4 + 2405	ccctgtgaccaagcagataa G/A ctcatgctttattttagcca	1206
HNMT	14	intron5 + (80-81)	cctgtgtttgaaagaagctt (TT) atatatgttcttcattat	1207
HNMT	14	intron5 + (80-81)	cctgtgtttgaaagaagctt atatatgttcttcattat	1208
HNMT	15	intron5 + 235	cttcttttgggaaaatag T/C ctttcttctatatatgaa	1209
HNMT	16	intron5 + (702-703)	tacttacaggttgattttag (AT) acacagcagactctgtcttc	1210
HNMT	16	intron5 + (702-703)	tacttacaggttgattttag acacagcagactctgtcttc	1211
HNMT	17	intron5 + 749	ttacaccagaccctactt T/G aacaccatagtccacaaat	1212
HNMT	18	intron5 + 1101	gtaggcagcctatttctgt T/G atattoatcaatcatcaga	1213
HNMT	19	intron5 + 1137	acagaaaaagtattgtagac G/A gaaataacaattcattgaga	1214
HNMT	20	intron5 + 1348	aaggggcctggaatgtcca C/G aagtaactgagaactgatta	1215
HNMT	21	intron5 + 1673	caaaagaaagggagtaaga G/G tcaacaatcagtttagctttt	1216
HNMT	22	intron5 + 2022	atttatttgggctttcta C/T gtctctctctcctaagccta	1217
HNMT	23	intron5 + 2285	tgtcactacttaactcttaaa G/C atccagagtaaatgatggag	1218
HNMT	24	intron5 + 4159	taccagttgaccagcaacc C/T tcttatagatagtta	1219
HNMT	25	intron5 + 4501	aatgatccacaaaattacta C/G tcattgttttcttcaatga	1220
HNMT	26	intron5 + 5251	cacacacacacacacaca C/G caaatggaagcagccagaca	1221
HNMT	27	intron5 + 5802	gaaaaagaaatctggtta C/T atoatgttgaaaacaaagt	1222
HNMT	28	intron5 + 6189	tccaattccaccttctccta G/C agcatatcctgcagttacct	1223
HNMT	29	intron5 + 6297	gtcttggttcatctcttgg T/A taaattagatctgggaactt	1224
HNMT	30	3'flanking + 458	tatgtcactctcaagaactc C/T tataagaccaagagtcact	1225
HNMT	31	3'flanking + 993	ctgaaaatgaacactgaacc G/A ttaactactatgatgtac	1226
HNMT	32	3'flanking + 1793	gtggagcacagcattttagg G/A cttgatatttgcctattata	1227
GAMT	3	intron5 + 1411	ggtagcctggtgccatccc G/A accaggagacgcaggtgcc	1228
PNMT	2	intron1 + 35	ctgaggcacagggaacaaga G/T gtcgtcggggagtgaagca	1229
CYP1A1	1	intron1+1590	ccactcttcaaaaggagta C/T atgtgacagcagctggaat	1230
CYP1A1	2	exon2+160	gaatccacaggccatggg G/A ctggcotctgattgggocaca	1231
CYP1A2	1	5'flanking-731	gcctgggctaggtgtgggg T/G cctgagttccgggttgcct	1232
CYP1A2	2	intron1+371	ottocotgtgtcacactaa C/T ctttctctcttgaattg	1233
CYP1A2	3	intron3+44	atagccaggagagccttga G/A acccaggtgtttgttcagt	1234
CYP1A2	4	intron5+81	tcctgtctaggaactgttta T/C ataataagaggaggacct	1235
CYP1A2	5	exon6+181	ctggccatcctgtacagca A/T ctggagttcagcgtgccgc	1236
CYP1A2	6	exon6+295	cggctgcgctctccatcaa C/T tgaagaagacaccaccttc	1237

遺伝子名	No.	存在位置	配列	配列番号
CYP1B1	1	5'flanking-3669	tgatcctgtgaagcatcac G/A gttatccttctctgcacatg	1238
CYP1B1	2	5'flanking-3149	tgacagcacttaccaccta G/C ttctctgatttttgatga	1239
CYP1B1	3	5'flanking-1222	gggggaagccacccccccc G/A agcgctccggcttcctta	1240
CYP1B1	4	5'flanking-376	ttccgggaagcaagctcaag T/C cgcggagagggagggaggt	1241
CYP1B1	5	5'flanking-265	ctggggacaccgtgcggcct C/T gattggagggtggctgtgatg	1242
CYP1B1	6	intron1+129	tgcccgagcgtgtgtcccca G/A attgcaggaaaccgttacgcg	1243
CYP1B1	7	intron1+379	tgagtgtcacgccttctcct C/T tctgtccccagcatgggcac	1244
CYP1B1	8	exon3+(799-800)	agcttctgggagatttttt (T) gagtc aaagactaaagggc	1245
CYP1B1	8	exon3+(799-800)	agcttctgggagatttttt gagtcaaagactaaagggc	1246
CYP1B1	9	exon3+1284	agtatagtgagggttccatga G/T ttatcatgaattttaagta	1247
CYP1B1	10	3'flanking+2226	tttctttttcttttttttt T/Δ aaaatttattcctatttct	1248
CYP1B1	11	3'flanking+(2226-2227)	ttctttttcttttttttt (T) aaaatttattcctatttct	1249
CYP1B1	11	3'flanking+(2226-2227)	ttctttttcttttttttt aaaatttattcctatttct	1250
CYP1B1	12	3'flanking+2230	ttttcttttttttttaaa A/Δ ttattcctatttccctaca	1251
PEMT	90	intron1 + (297-299)	attgtgtgagactcagaggt TGT/Δ ccgtgttagtctttgggatt	1252
PEMT	91	intron1 + 817	tcataagcctgtgaaggac A/G tctctgccccagcagcttc	1253
PEMT	92	intron1 + 830	aaggcacatctgtgcccaa G/A cagcttctaaccagttctt	1254
PEMT	93	intron1 + 1035	gagttototgaaggagctaa T/C accagttagtttttgaaga	1255
PEMT	94	intron1 + 1573	agtggcgaggagagactaac C/T ggtgtgtgagggtgggct	1256
PEMT	95	intron1 + 1759	gatttttcttaagaagaagaa A/G gaaagaacatacaacatac	1257
PEMT	96	intron1 + 2768	gcattctgtgtccacaggg C/A ggggcacctccaggattcag	1258
PEMT	97	intron1 + 2785	ggccggggcacctccaggat T/C cagaagatgactccagtagg	1259
PEMT	98	intron2 + 4598	ccgtgggtttttttttt t/Δ ctctatttcttgggtgtg	1260
NAT2	21	exon2 + 288	atgttaggagggtattttta C/T atccctccagttacaaata	1261
NAT2	22	5'flank - 2053	ctggattgcaacattttaat T/C ccaggtgtcaggtttccaac	1262
NAT2	23	5'flank - 1299	gaatcaccagtgccggagg A/G taacagtgaaccaagacac	1263
NAT2	24	5'flank - 1145	ctgtagaacacaagatatt C/T ggaggcagttgtacatgcc	1264
NAT2	25	5'flank - 1036	ccttccacagagtcccgag T/A tcattgtgcagcatgccaga	1265
NAT2	26	5'flank - 94	aaagettgtcaagagattc G/A cagaggcaacctgaggccct	1266
NAT2	27	5'flank - 643	atgtttatattttatattaa T/C attaatgtaataaaaattt	1267
AADA	1	5'UTR + 29	attaaagtacactattcagg C/T atatcatgtaggtttacttt	1268
AADA	2	intron1 + 137	gctgtggcctttgacaatgt G/A ttacttagaaatgtgtttg	1269
AADA	3	intron1 + 141	tgcctttgacaatgtgtta C/T ttagaatgtgtgtttttt	1270
AADA	4	intron1 + 1034	ttccagcagagacaccaaca A/G gtaaaaoacccagctaca	1271
AADA	5	intron1 + 1253	ttttttccctcatatttgc T/C gtctgtgtcacaatgtga	1272
AADA	6	intron1 + 1365	ctctgttagccttttaatta A/G ttaattcattcatttactta	1273
AADA	7	intron1 + 1368	tggtagccttttaattaatt A/C attcattcatttacttacat	1274
AADA	8	intron1 + 2500	aggttacagaagaatggtg C/A ttggccaaaaatgatagg	1275
AADA	9	intron2 - 819	taatgagattagtagggag A/C attttttttttttgtgc	1276
AADA	10	intron2 - 802	gagcattttctttattttt A/G tgcaggagaaatataaaca	1277
AADA	11	intron2 - 449	aggtgcctttctattgtcc C/T atgcagacttaggtatcct	1278
AADA	12	intron2 - 244	gtctgacacagaagatcaa T/A ggcaaaatgtgcaagacaaa	1279
AADA	13	intron2 - 181	taggaggttactgggaac T/C tgaattccactgagtcatga	1280
AADA	14	intron2 - 127	tataaatcacagtgttaatt T/C gtctctgtatttttaaggta	1281
AADA	15	intron4 + 605	tgtgtcagtaaaatattata T/C taaglaggtgaatgagatca	1282
AADA	16	intron4 + 621	tatattaagtaggtgaatga G/T atcatgtaattgtgagacta	1283
AADA	17	intron4 + 679	ttagagattcagacgaattc A/G tataatcttcgatgtgtat	1284
AADA	18	intron4 + 1681	gttaaaatgtggaataaac C/T acaatttgcaaaatatttg	1285
AADA	19	intron4 + 1750	atttagaagttctataoato T/C ttatagtatattacacat	1286
AADA	20	intron4 + 1773	tatagtataattacacattc G/A aaaacacaaaattttttt	1287
AADA	21	exon5 + 238	caagtcattctctcaaat A/G ttaattggagttccctgtc	1288
AADA	22	3'UTR + 121	ttagaattgtgtttctta A/G aatggtctagttaagttcca	1289
NTE	1	5'flanking - 535	cacgatctgtcctcggattc C/T tgttaactctagactttctg	1290
NTE	2	5'flanking - 15	gtaaatccoooggaaaaaao A/G gcagcgoottgoagccac	1291
NTE	3	5'flanking - 748	agcatggcgggggaggagg G/T gteggagggtcggaggagac	1292
NTE	4	5'flanking - 690	tgaataatttaaggggccg T/C gcctgcggagccggcgga	1293
NTE	5	intron6 + 605	tcttgcatatacttagtg A/G ggggtctacatcagggttt	1294
NTE	6	intron6 + 748	agcctccagcctctctctc C/T ggggttatctcaggcatct	1295
NTE	7	intron6 + 987	ggtgtgtgtctgggtccc C/T gtgcgtcatgtatctacct	1296

遺伝子名	No.	存在位置	配 列	配列番号
NTE	8	intron6 + 1882	tggcctcaagcaatcctccc G/A cctcggcctcccaaagtgt	1297
NTE	9	intron6 + 2222	gaatgtttatgtagaacaga G/A agactgtatctgcggtcttc	1298
NTE	10	intron12 + 166	tatctggtaccggaggaagct G/G tggcctcgtccccaaggcc	1299
NTE	11	intron13 + 69	atccagggtccacgcctgcc C/T gtcttgattgttttaatctg	1300
NTE	12	intron14 + 8	agccccgcctcggtgaagc C/T tggaccctgcccggtgtg	1301
NTE	13	intron16 - 113	gccaccgcgcctgcgcctt T/C atatttttcttaacccttc	1302
NTE	14	intron21 + 34	agagccggccggccagagc A/G tgctggagatgtatccgg	1303
NTE	15	intron21 + 128	gaagaatcgtgccctgag G/A gtttcaaaccttaagtagga	1304
NTE	16	intron21 + 151	ttcaaaccttaagtaggacc C/G aggtgcagagcattctgggg	1305
NTE	17	intron21 + 651	ccactgtactccagccggga C/T gacagagctagaacctgtt	1306
NTE	18	intron21 + 737	tggaaaatagctctgtgatt G/T ttgttaggactctgggca	1307
NTE	19	intron21 + 1752	acagctggtctaggctgtta G/C tggagaaactgggaagcaac	1308
NTE	20	intron21 + 1788	gaagcaacagctgggtcaaa A/Δ gtactttttcttttctggc	1309
NTE	21	intron21 + 1907	cactgcaacctctgcctccc A/G gtttcaagtattctcctgc	1310
NTE	22	intron21 + 2065	ctgcctcgttttatgttcag G/T tccccattagacagaggaa	1311
NTE	23	intron21 + 2336	agtctgggacacaggagca G/A gaatttcagataaggaggaa	1312
NTE	24	intron23 + 41	tpppagggtggtgggtgg G/C ctggagcctcaaatcttc	1313
NTE	25	intron23 + 71	caaatctttcagacctgag T/C tcaagtctcggcttcaaac	1314
NTE	26	intron23 + 81	cagacotgagtccaagtct C/T ggcttccaaccaggagcct	1315
NTE	27	intron24 + 150	gtggggcggtctgtgacctc A/C gcgcctcgtattccgcagct	1316
NTE	28	intron29 + 37	gcctgcagcaaccgcgtgac T/C cactgsggttgggggatg	1317
NTE	29	intron29 + 370	cgccacaggtcagagagccc G/A tcgggcgggtgggctcog	1318
NTE	30	intron30 + 56	acctccgcaccacacacac G/A cacacgcgtgggcacacaca	1319
NTE	31	intron30 + 358	aaaaatacaaaaaataacc A/G ggctggtgggtgtgcctgt	1320
NTE	32	intron30 + 372	ttaaccaggctgtgggggtg T/C gcctgtaatccagctactc	1321
NTE	33	intron30 + 430	aaatcacttgaacctggag G/T tggaggttcagtgagctga	1322
NTE	34	intron30 + 655	gtgicacaccagctatata T/C gcaaatgctttctctcagg	1323
NTE	35	intron30 + 659	gcacaccagctatataatga A/C atgctttctctcaggggcag	1324
NTE	36	intron30 + 760	tgaatataggcatttccaa G/T gcatgccagctctgtccgtt	1325
NTE	37	intron30 + 835	gcacacacgtagataggatg T/C ggcacctctgaccagttaa	1326
NTE	38	intron31 + 40	tggcctgcctaggtgtc T/C ggctaagctttgctacttaa	1327
NTE	39	intron31 + 41	ggtgcctgcctaggtgtc G/A gctaagctttgctacttaa	1328
NTE	40	intron31 + 1329	gtctgtcaagggcaggacag G/A ggaatgttaggcagtgctg	1329
NTE	41	intron35 + 31	aatggtctcgtgtctttt G/A gactggggaccacctctg	1330
DDOST	8	intron2 + 1299	atctctgtgactgggctt C/T ggtgcagtaactggtgtttg	1331
DDOST	9	intron2 + 1581	gatactgttggtagagaaa T/G gacagagagtgtaaaacagt	1332
DDOST	10	intron2 + 2822	gtttctcaacaggtgcattc T/G tgacgttcagactggataa	1333
DDOST	11	intron2 + 3392	cagaaggcgtggaggcctgc C/T gcgcctccctctgttctgc	1334
DDOST	12	intron5 + 495	attgottgaacccaggagc G/A gaggttcagtgagccaagg	1335
DDOST	13	intron6 + 226	ggaactgcttgggtcacagc C/T tctgtttgttccagtatcc	1336
DDOST	14	intron8 + 303	aagagaaataggctcattag A/T tgaattgttaggcaagaga	1337
DDOST	15	3'flanking + 40	caacagcgtggagacgggca G/A ggaggggggttattaggatt	1338
MRP2	1	5'UTR + 14	catattaatagaagagtctt C/T gtccagacgcagtcacagga	1339
MRP2	2	intron 2 + 189	atcaaatggctttgatttt T/C gcataagaatggtgactctt	1340
MRP2	3	intron 1 + 413	gataagttctagaatgcga A/C ctaatgataggactagaag	1341
MRP2	4	intron 2 + 3636	gtcatatcccacccccaaat C/A atgcagccaaggttactgaa	1342
MRP2	5	intron 2 + 3986	agttatgaaccgatttttc C/T gggactggtttcttagtct	1343
MRP2	6	intron 2 + 4075	aggtttccagatgtttccc T/C aggcattcctggtgtagga	1344
MRP2	7	intron 2 + 4168	cttattctttgtcagttgg C/T ttctaccacctcttagctt	1345
MRP2	8	intron 2 + 5370	gttaaggatattgaactca A/G aattttatcacagtgcaa	1346
MRP2	9	intron 2 + 4433	ggaactgtggaagaattaga C/G ctttctgaataaataagatc	1347
MRP2	10	intron 2 + 3930	aaaactgcaggagaatttc A/G ctggagctgcagtcaggact	1348
MRP2	11	intron 2 + 4257	gggtattggaagtcttgc G/A gctgctggaggctgcggtgt	1349
MRP2	12	intron 3 + 772	ggtataaggcaagattttt A/T aaaaaattaattgctaatc	1350
MRP2	13	intron 7 + 1658	ggactcttaccagcttagtt G/T cctggttttctaataaaaa	1351
MRP2	14	exon 10 + 40	tggccaggaaggagtagacc G/A ttggagaacagtgaaacctg	1352
MRP2	15	intron 11 + 1672	aactttttaagtcttaagac T/A ggaaggcctgttcctagac	1353
MRP2	16	intron 12 + 148	ccctctcaccgccctgcc A/G ctttctcctttgtaccat	1354
MRP2	17	intron 2 + 1020	agtgtctgcattacaagcct G/C agccacctgcacagcctctg	1355

遺伝子名	No.	存在位置	配 列	配列 番号
MRP2	18	intron 2 + 5227	taccataatttatgtctct A/G tatgacatgaatttcattgg	1356
MRP2	19	intron 2 + 5373	gttaaggatagtgaactca A/G aattttatacacagtgcaa	1357
MRP2	20	intron 2 + 5538	ttaatgaggtaagcacatg G/T tcatatgtttaaagccttt	1358
MRP2	21	intron 13 + 180	catgagttttctgagcccca G/C tttaactataaaaatga	1359
MRP2	22	intron 13 + 1497	gtgcagggtcccccctgatgc T/C atagccagttcctctttaga	1360
MRP2	23	intron 15 + 169	atgagotgaaagcaaggtt T/C tcagocoottccootgataa	1361
MRP2	24	intron 15 + 949	ttccaggtgacacatttagt A/G cctaatttggaaatgttaa	1362
MRP2	25	intron 15 + 984	tgtaaatctagtcacatccc A/C tttagtaagaaaggagggtc	1363
MRP2	26	intron 16 + 4059	catcctgatgcacagtatt C/T aaatttaagctccatttgtt	1364
MRP2	27	intron 19 + 10899	atgtatggagtattatgga G/A taaagtattccatgctgtat	1365
MRP2	28	exon 22 + 51	caagcaataggattgtttc G/A atattctcatcatccttgc	1366
MRP2	29	exon 22 + 56	tatactgaggatctttctga C/T agggagggaattattatgcc	1367
MRP2	30	intron 23 + 734	tgagccaactactgtactag G/A cactggggcactcaatgaat	1368
MRP2	31	intron 23 + 801	atgggocagacccaactcac T/G gallttttagtgatctgag	1369
MRP2	32	intron 27 + 124	gggtccctaagtttccttt C/G ctctaactcaaggacctaa	1370
MRP2	33	exon 28 + 52	cagattggcccagcaaaaggc A/C agatccagtttaacaactac	1371
MRP2	34	exon 28 + 84	aacaactaccaagtgcgta C/T cgacctgagctggatctggt	1372
MRP2	35	exon 28 + 129	agagggatcactgtgacat C/T ggtagcatggagaaggtagg	1373
MRP2	36	intron 29 + 154	ttccctaggatggacacgtc A/G ttccagaaactttgaaatgt	1374
MRP2	37	intron 30 + 91	gtgttagtgatgcctggca T/C agaattttcatccaggtctg	1375
MRP2	38	intron 31 + 170	gccaaaattttacatcacgc A/G aatgaaaacgaacaaggtta	1376
MRP2	39	intron 26 + 154	ctggctccatcttttaccca T/C ggacgtattccttactcttc	1377
MRP2	40	3'-flanking + 739	gtgaattttattataagct C/T gttctccttaaaactttatc	1378
MRP2	41	intron 3 + 1145	acatcctttcccccctcagtc C/T tcggttagtggcagtattct	1379
MRP2	42	intron 26 + 432	tggcagtagagcagggtgag G/A aggattattctgcagaggaa	1380

【0034】

表1において、「遺伝子名」の欄には薬物代謝酵素をコードする遺伝子名を記載した。「配列」の欄においてアルファベット大文字で示した塩基がSNP情報である。「/」を付した2つの塩基は、その塩基のホモ又はヘテロのSNPを示す。例えば、「A/G」と表示した場合は、アレルがA/A若しくはG/Gのホモ、又はA/Gのヘテロであることを意味する。表中の配列は、SNPの前後20塩基を示している。但し、括弧を付した塩基（例えばABCB4の第26番の（T））はインサートによる多型を、△（例えばNAT2の第10番目）は1塩基の欠失による多型を意味する。また、配列番号674に示す配列中、nはVNTRであり、(cctgy)_X（Xは1～50の整数）からなる繰り返し配列を表している。

【0035】

「存在位置」は、SNPのゲノム上の位置を示す。5' フランキング (flanking) 領域、イントロン (intron) 領域、3' フランキング (flanking) 領域のSNPsの存在位置は、エキソン/イントロン結合点 (exon/intron junction) の最初のイントロンの塩基配列を1番として数えた。エキソン領域のSNPsの存在位置は、エキソン/イントロン結合点の最初のエキソンの塩基配列を1番として数えた。(+) .

表示又は無表示は3'下流方向に、(-)は5'上流方向に向かって数えた数字を示した。「No.」の欄に記載された数字は、各遺伝子の遺伝子地図(図9~95)上のSNPの位置を示す番号と対応する。

【0036】

4. オリゴヌクレオチドプローブ又はオリゴヌクレオチドプライマーの作製

本発明の検出方法においてプライマー及び/又はプローブとして使用されるオリゴヌクレオチドは、例えばSNPを検出するときは表1に示す塩基配列(配列番号1~1380)を基本とし、これらの配列自体を合成してもよく、これらの配列の一部を含むように設計し合成してもよい。但し、その塩基配列中には必ずSNP(表1の「配列」の欄にアルファベット大文字で表示した部分)が含まれるようにする。また、本発明においてはこれらの配列の相補鎖も含まれる。以下、SNPを例に説明する。

【0037】

SNPは、塩基配列の3'若しくは5'端に存在するように設計し、又は3'若しくは5'端から4塩基内、好ましくは2塩基内に存在するように設計する。あるいは、オリゴヌクレオチドの塩基配列全長の中央にSNPが存在するように設計する。「中央」とは、SNPの塩基よりも5'端に向かう塩基の数と、3'端に向かう塩基の数とがほぼ同数となる中心部の領域をいい、オリゴヌクレオチドの塩基数が奇数の場合は、中心部の5塩基、好ましくは中心部の3塩基、さらに好ましくは最も中心部の1塩基をいう。例えば、41個の塩基数の場合は、第19番目~第23番目、好ましくは第20番目~第22番目、さらに好ましくは第21番目の塩基が「中央」となる。また、オリゴヌクレオチドの塩基数が偶数の場合は、中心部の4塩基、好ましくは中心部の2塩基をいう。例えば、40個の塩基数の場合は、第19番目~第22番目、好ましくは第20番目の塩基が「中央」となる。

【0038】

塩基配列の長さは、少なくとも13塩基、好ましくは13塩基~60塩基、さらに好ましくは15~40塩基、最も好ましくは18~30塩基となるように設計する。このオリゴヌクレオチド配列は、被検遺伝子を検出するためのプローブとして使用することができ、また、フォワード(センス)プライマー及びリバース(アンチセン

ス) プライマーのどちらに使用してもよい。

【0039】

また、オリゴヌクレオチドは、ゲノムDNAとハイブリダイズする領域とハイブリダイズしない領域とがタンデムに連結したものであってもよい。連結の順序はどちらが上流でも下流でもよい。このオリゴヌクレオチドのうちハイブリダイズする領域は、表1に記載のSNPを含む配列情報から設計し、ゲノムDNAとハイブリダイズする領域の最も5'側又は3'側の配列がSNPとなるように作製する。上記オリゴヌクレオチドのうちハイブリダイズしない領域は、表1に記載のSNPを含む配列とハイブリダイズしないように、ランダムに配列を設計する。このオリゴヌクレオチドは、主としてインベーター法によるSNPの検出に、プローブとして使用することができる。

【0040】

さらに、本発明において使用されるプライマーは、表1に示す塩基配列のうち、そのSNPに起因する機能変化、有効／無効の判断、副作用の有無を調べる目的で、PCRにて増幅される配列の中にSNPを含むよう設計される。この場合の、プライマーの長さは、少なくとも15塩基、好ましくは15～30塩基、さらに好ましくは18～24塩基の長さを有するように設計する。このときのプライマー配列は、増幅断片が500bp以下、好ましくは100～300bp、さらに好ましくは100～150bpとなるように鋳型DNAの領域から適宜選択する。

【0041】

以上のように設計されたオリゴヌクレオチドプライマー又はオリゴヌクレオチドプローブは、公知の手法により化学合成することができるが、通常は、市販の化学合成装置を使用して合成される。

【0042】

なお、プローブには、予め蛍光標識（例えばFAM, VIC, Cy3等）を付加して作業の自動化を図ることも可能である。

上記オリゴヌクレオチドは、ポリメラーゼ（例えばTaqポリメラーゼ）、緩衝液（例えばTris緩衝液）、dNTP、蛍光色素（VIC、FAM等）などと共に、遺伝子多型検出用キットに含めることができる。

【 0 0 4 3 】

5. 検出

上記のようにして調製されたオリゴヌクレオチドをプライマーとし、DNAポリメラーゼを用いて薬物代謝酵素をコードする遺伝子（鋳型DNA）を増幅する。あるいは、上記のようにして調製されたプローブを鋳型DNAとハイブリダイズさせて、目的の遺伝子多型を有するDNAを検出する。鋳型となるDNAの調製は、公知の手法、例えば塩化セシウム密度勾配超遠心法、SDS溶解法又はフェノール・クロロホルム抽出法等により行うことができる。

【 0 0 4 4 】

(1) PCRによる検出

増幅は、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)により行うことができる。DNAポリメラーゼとしてはLA Taq DNAポリメラーゼ(Takara)、Ex Taq ポリメラーゼ (Takara社)、Gold Taq ポリメラーゼ (Perkin Elmer) , AmpliTaq (Perkin Elmer) 、Pfu DNAポリメラーゼ (Stratagene社) 等が挙げられる。

【 0 0 4 5 】

増幅の条件は、85℃～105℃で10秒～40秒、好ましくは94℃で20秒～30秒の変性工程、50℃～72℃で30秒～1分、好ましくは60℃で20秒～1分のアニーリング工程、及び65℃～75℃で1分～4分、好ましくは72℃で2分～3分の伸長工程を1サイクルとしてこれを30～40サイクル行う。但し、鋳型DNA及びプライマーを十分変性させるために、上記増幅サイクルの前に95℃で1分～5分〔但し、Gold Taq ポリメラーゼ (Perkin Elmer) を使用の際は、最低8分～15分、好ましくは10分から12分の変性工程を加えてもよく、また、増幅されたDNAを完全に伸長するために、増幅サイクルの後に72℃で1分～10分の伸長工程を加えてもよい。さらに、増幅産物の検出を直ちに行わない場合は、非特異的な増幅が起こらないようにするために、増幅産物を4℃で保存する工程を加えることが好ましい。このようにして、薬物代謝酵素をコードする遺伝子を増幅することができる。

【 0 0 4 6 】

その後は、増幅産物についてアガロースゲル電気泳動を行い、臭化エチジウム、SYBR Green液等により染色し、そして増幅産物を1本又は2～3本のバンド (D

NA フラグメント) として検出することにより、薬物代謝酵素をコードする遺伝子中の遺伝子多型を含む薬物代謝酵素の一部をDNAフラグメントとして検出することができる。アガロースゲル電気泳動の代わりにポリアクリルアミドゲル電気泳動、あるいはキャピラリー電気泳動を実施してもよい。また、予め蛍光色素等により標識したプライマーを用いてPCRを行い、増幅産物を検出することもできる。また、マイクロプレート等の固相に増幅産物を結合させ、蛍光又は酵素反応等により検出する等、電気泳動を必要としない検出方法も採用することができる。

【 0 0 4 7 】

(2) TaqMan PCR法による検出

TaqMan PCR法は、蛍光標識したアレル特異的オリゴとTaq DNAポリメラーゼによるPCR反応とを利用した方法である。TaqMan PCR法で用いるアレル特異的オリゴ(TaqManプローブという)は、前記SNP情報に基づいて設計することができる。TaqManプローブの5'末端はFAMやVICなどの蛍光レポーター色素Rによって標識されており、同時に3'末端がクエンチャーQ(消光物質)によって標識されている。(図1)。従って、この状態ではクエンチャーが蛍光エネルギーを吸収するため蛍光は検出できない。TaqMan プローブの3'末端はリン酸化されているため、PCR反応中にTaqManプローブからの伸長反応は起こらない(図1)。しかし、このTaqManプローブを、SNPを含む領域を増幅するように設計したプライマーとTaq DNAポリメラーゼとともにPCR反応を行うと、次の反応が起こる。

【 0 0 4 8 】

まず、TaqManプローブが鋳型DNAの特異的な配列にハイブリダイゼーションし(図2a)、同時にPCRプライマーから伸長反応が起こる(図2b)。この際、Taq DNAポリメラーゼは5'ヌクレアーゼ活性を有しているため、PCRプライマーの伸長反応が進む際にハイブリダイゼーションしたTaqManプローブを切断する。TaqManプローブが切断されると、蛍光色素がクエンチャーの影響を受けなくなり、蛍光を検出することができる(図2c)。

【 0 0 4 9 】

例えば、図3に示すように、SNP部位がAのアレル(アレル1とする)と、Gのア

レル（アレル 2 とする）が存在すると仮定する。アレル 1 に特異的な TaqMan プローブは FAM で、アレル 2 に特異的な TaqMan プローブは VIC で標識する（図 3）。2 種類のアレル特異的オリゴを PCR 試薬に添加し、検出の対象となる鋳型と TaqMan PCR を行う。その後、蛍光検出器にて FAM 及び VIC の蛍光強度を測定する。その結果、アレルの SNP 部位と、TaqMan プローブの SNP に対応する部位とが相補的である場合は、プローブがアレルとハイブリダイズし、Taq ポリメラーゼによりプローブの蛍光色素が切断されて、クエンチャーの影響を受けなくなり、蛍光強度が検出される。

なお、鋳型がアレル 1 のホモ接合体である場合は FAM の強い蛍光強度を認め、VIC の蛍光はほとんど認められない。鋳型がアレル 1 とアレル 2 のヘテロ接合体である場合は、FAM と VIC の両者の蛍光を検出することができる。

【0050】

(3) インベーター法による SNP の検出

インベーター法は、アレル特異的オリゴと鋳型とをハイブリダイゼーションすることにより SNP を検出する方法である。インベーター法では、2 種類の非標識オリゴと 1 種類の蛍光標識オリゴを用いる。2 種類の非標識オリゴのうちのひとつは、アレルプローブと呼ばれるものである。アレルプローブは、ゲノム DNA（鋳型 DNA）とハイブリダイズして相補鎖を形成する領域と、鋳型 DNA の配列とは無関係な配列を有し、かつゲノム DNA とハイブリダイズしない領域（フラップという）とから構成されており、ハイブリダイズする領域のうち最も 5' 側又は 3' 側の位置が、SNP に対応する塩基となっている（図 4a）。上記フラップ配列は、後述するフレットプローブと相補的な配列を有するオリゴヌクレオチドである。もうひとつのオリゴは、インベータープローブと呼ばれている。このオリゴは、SNP 部位からゲノム DNA の 3' 側方向に向かって相補的にハイブリダイズするように設計されている（図 4b）。但し、SNP 部位に対応する配列（図 4b 中、「N」）は任意の塩基でよい。従って、鋳型であるゲノム DNA と上記 2 つのプローブをハイブリダイゼーションさせると、SNP 部位にインベータープローブの 1 塩基（N）が割り込むように侵入し（図 4c）、SNP 部位が 3 重鎖を形成する。

【0051】

一方、蛍光標識オリゴはアレルと全く無関係な配列であり、SNPの種類によらず配列は共通である。このプローブをフレット (FRET) プローブ (fluorescence resonance energy transfer probe) という (図5)。FRETプローブの5'末端の塩基 (レポーター) には蛍光色素Rが標識されており、その上流にはクエンチャーQが結合している。従って、この状態ではクエンチャーが蛍光色素を吸収してしまうため蛍光を検出できない。また、FRETプローブの5'末端 (レポーター塩基) から一定領域 (領域1とする) は、その領域1よりも3'側の領域と向き合って相補的な配列となるように設計されている (これを領域2という)。従って、領域1は領域2と自分自身で相補鎖を形成する (図5)。また、この相補鎖形成領域よりもさらに3'方向の領域は、アレルプローブのフラップとハイブリダイズして相補鎖を形成できるように設計されている (図5)。

【0052】

インベーター法では、DNAの特殊な構造を認識して切断する特殊なエンドヌクレアーゼ活性を有する酵素 (5'ヌクレオチダーゼ) の1つであるクリーバーゼ (cleavase) を用いる。クリーバーゼは、ゲノムDNA、アレルプローブ及びインベータープローブがSNP位置で3重になった時に、アレルプローブのSNP位置の3'側を切断する酵素である。従って、図4cのように3つの塩基が並び、5'末端がフラップ状になっている部分を認識して、そのフラップ部分を切断する。これによって、このSNP部位の構造がクリーバーゼにより認識され (図6a)、フラップの部位でアレルプローブが切断されフラップ部分が遊離する (図6b)。次に、アレルプローブから遊離したフラップ部分は、FRETプローブと相補的な配列をもつため相補結合する (図6c)。このとき、フラップのSNP部位がFRET自身の相補結合部位に割り込んで侵入する。クリーバーゼは再びこの構造を認識して蛍光色素部分を切断する。切断された蛍光色素は、クエンチャーの影響を受けなくなり、蛍光を発する (図6d)。SNP部位がアレルプローブのSNPに対応する配列とマッチしない場合は、図7のように、クリーバーゼが認識する特異的なDNA構造をとらないため、プローブは切断されず、蛍光は検出されない。

【0053】

例えば、あるSNPがT/Cのときに、T用のインベータープローブ、アレルプロー

ブ、及びSNPに対応するレポーターにFAMを結合させたフレットプローブ、並びにこれとは別にC用のインベータープローブ、アレルプローブ、及びSNPに対応するレポーターにVICを結合させたフレットプローブとを準備し、全て混合してSNP検出を行う。その結果、SNPがT/Tのホモの場合にはFAMの蛍光を発し、C/Cのホモの場合にはVICの蛍光を発し、T/Cヘテロの場合にはFAMとVIC両者の蛍光を発する。FAMとVICは蛍光波長が異なるため、両者を分別できることになる。

【0 0 5 4】

(4) SniPer法による検出

SniPer法でSNPを検出するためには、アレルの識別をRCAによる増幅の有無で行うことができる。すなわち、鋳型になるべきゲノムDNAを直鎖状にしておいて、このゲノムDNAにプローブをハイブリダイズさせる。プローブの配列と鋳型であるゲノムDNAの配列とが相補的にマッチして相補鎖を形成すると、ゲノムDNAはライゲーション反応が起こって環状になることができる。その結果、環状DNAのRCAが進行する。これに対し、プローブの端がゲノムDNAとマッチしなければ、ライゲーションされず環状にならないため、RCAの反応は進まない。従ってSniPer法では、ゲノムDNAとアニールし、しかも環状になり得る一本鎖プローブを設計する。この一本鎖プローブをパドロックプローブという。このパドロックプローブの断端を検出目的となるSNPに対応する配列にしておいて、このパドロックプローブとゲノムDNAとを混ぜ、ライゲーション反応を行う。パドロックプローブの断端とゲノムDNAのSNP部分が相補的であれば、ライゲーション反応によってパドロックプローブは断端がつながり環状となるが、相補的でなければ環状にならない。従って、対象となるSNPに相当するパドロックプローブのみが環状となり、DNAポリメラーゼによって増幅する。SNPは、この増幅の有無を検出すればよい。検出は、両端に蛍光色素とクエンチャーをもち、ヘアピン構造を有する合成オリゴヌクレオチドを使用する。

【0 0 5 5】

(5) MALDI-TOF/MS法による検出

MALDI-TOF/MS (Matrix Assisted Laser Desorption-Time of Flight / Mass Spectrometry) 法は、質量分析計をSNPタイピングに応用した方法である。この方

法は、以下のステップから構成される。

【0056】

(i) SNPを含むDNA断片のPCR増幅及び精製

SNP部位の塩基とPCRプライマーは重複しないように設計した後DNA断片を増幅し、増幅反応産物からエキソヌクレアーゼやアルカリホスファターゼ処理によりプライマー、dNTP等を除去して増幅断片を精製する。

【0057】

(ii) プライマー伸長反応（サーマルサイクル）及び精製

PCR産物である標的領域の鋳型に対して10倍以上のプライマーを加え、サーマルサイクル反応させてプライマー伸長反応を行う。ここで使用するプライマーは、その3'末端がSNP部位の塩基に隣接するように設計する。プライマーの長さは、15～30塩基、好ましくは20～25塩基である。マルチプレックス反応を行う場合には、鋳型と相補的でない配列を5'末端に付加する。また、サーマルサイクルは、85～105℃（好ましくは94℃）と35～40℃（好ましくは37℃）の2温度間で20～30サイクル（好ましくは25サイクル）行う。

得られた反応産物を、質量分析機に適した状態にするため精製キット等を用いて精製する。

【0058】

(iii) 質量分析計によるDNAの質量分析

精製された伸長反応産物を質量分析機にアプライして、目的産物の質量を測定する。すなわち、精製産物をマトリックスと混合し、MALDIプレートに0.5～1.0 μ Lスポットする。プレートを乾燥後、試料にレーザー光を照射し、スペクトログラムを作成する。

【0059】

6. 薬物の評価

本発明においては、前記のようにして得られる一塩基多型等の検出結果から、当該薬物代謝酵素によって代謝される薬物の有効性及び安全性を評価することができる。

薬物の評価は、タイピングシステムにより行うことができる。すなわち、上記

いずれかの検出手法に従って、毒性（副作用）発現群と非発現群のアレル頻度を比較する。両者を比較した際、アレル頻度に差が生じるものを毒性発現認識のためのマーカーとして選出する。統計学的検定は、通常 χ^2 検定によるが、例えば Fisher 検定などの他の統計処理を行うこともできる。なお、この結果を、薬物の活性本体（薬物未変化体又は代謝物でもよい）の血中濃度、組織濃度に反映させることも可能である。当該全ての遺伝子多型に関して、毒性との因果関係を調べ、相関のあった遺伝子多型部位のみを選出する。その全ての遺伝子多型解析用プローブ又はプライマーと各手法に応じた試薬を、反応プレート、カード又はガラス基盤等に予め用意し、そこに予測したいヒトのゲノムDNAを添加し、反応させることで、アレルパターンを調べることができる。毒性と相関する遺伝子多型を有する場合には、そのヒトの副作用発現予測が可能となる。薬物の有効性についても同様である。また、薬物の違いにより、副作用又は有効性と相関する遺伝子多型も異なるので、それぞれに関して、当該遺伝子多型を用いてタイピング操作を行えば、有効性や副作用の予測をすることが可能となる。

【0060】

このことを利用して、その遺伝子多型頻度と有効／無効又は副作用の有／無を比較し、アレル頻度に差がある時に判定することが可能となる。

例えば、薬物Aの投与によってある毒性（副作用）を示した者のSNPを解析した結果、統計的に全体の90%がT/Tを持つ者（例えばFAMの蛍光強度を検出）であることが判明し、毒性（副作用）を示さなかった者のSNPを解析した結果、T/Tを持つ者は全体の10%にすぎず、C/Cを持つものが90%を占めたことが判明したとすると、SNP解析の結果、T/Tを持つ者は薬物Aの投与はできないと評価することができる。

【0061】

7. 薬物のスクリーニング

本発明において前記の通り得られた遺伝子多型情報は、被験者から採取した当該薬物代謝酵素をコードする遺伝子の遺伝子多型情報と比較することにより、当該薬物代謝酵素によって代謝される薬物の有効性及び安全性を解析するための指標として利用される。従って、本発明において得られた遺伝子多型情報は、どの

薬物が治療に最も有効であるか、その使用すべき薬物を選択するための情報源となる。

【0062】

手法としては「5. 薬物の評価」に記載の評価方法を利用すればよい。つまり、前項で副作用又は有効性と相関が認められた遺伝子多型は、その酵素の活性、転写、翻訳に影響を与えるものであるといえる。また、副作用又は有効性の発現機構と間接的であっても何らかの因果関係があるといえる。ある薬物の代謝は、製薬会社などにおいて前臨床又は臨床試験にて調査・確認される。よって、それらの酵素遺伝子中に存在する遺伝子多型の中に重篤な副作用と相関する多型がある場合にはこれを削除すること、あるいは条件付きで使用する事が可能となる。また、有効性についても同様である。この副作用と有効性の情報から薬物のスクリーニングが可能となる。

【0063】

さらに、臨床試験（第I～III相試験）において副作用発現症例のボランティアと副作用非発現症例の遺伝子多型頻度解析を行うことで、前記した以外に副作用や有効性と相関する新たな遺伝子多型を検出することが可能となる。これを、上記と同様に調べることで薬物のスクリーニングが可能となる。

【0064】

【実施例】

以下、実施例により本発明をさらに具体的に説明する。但し、本発明はこれら実施例にその技術的範囲が限定されるものではない。

【0065】

〔実施例1〕 SNP情報の取得

(1) DNA抽出

血縁関係のない48人からEDTA存在下に採血を行った。DNAの抽出は、ゲノム解析ラボマニュアル（中村祐輔編 シュプリンガー・フェアラー東京）の方法に従って以下の通り行った。

【0066】

血液10mlを50mlのファルコンチューブに移し、室温で3000rpm、5分間遠心を

行った。ピペットにて上清（血清）を採取した後、RBC溶解バッファー（10mM NH_4HCO_3 , 144mM NH_4Cl ）を30ml加えた。沈殿がほぐれるまで混和した後、室温で20分放置した。室温で3000rpm、5分間遠心を行った後、ピペットにて上清（血清）を捨て、白血球のペレットを得た。RBC溶解バッファーを30ml加え、同様の操作をさらに2回行った。白血球のペレットにProteinase Kバッファー（50mM Tris-HCl (pH7.4), 100mM NaCl, 1mM EDTA (pH8.0)）を4ml、10% SDSを200 μl 、10mg/ml Proteinase Kを200 μl 加え、転倒混和した後、37℃で一晩静置した。フェノールを4ml加え、ローテーター（Rotator T-50, Taitec）にて4時間ゆっくりと転倒混和した。室温で3000rpm、10分間遠心を行い、上層を新しいチューブに回収した。4mlのフェノール-クロロホルム-イソアミルアルコール（容積比25:24:1）を加え、同様に2時間転倒混和した後、遠心した。上層を新しいチューブに回収し、4mlのクロロホルム-イソアミルアルコール（容積比24:1）を加え、同様に30分転倒混和した後、遠心した。上層を新しいチューブに回収し、8M 酢酸アンモニウム400 μl 、イソプロパノール4mlを加え、転倒混和した。糸状の白色析出物（DNA）を2ml容のチューブに回収し、70%エタノールを1ml加え、転倒混和した。新しい2ml容のチューブにDNAを回収し風乾した後、TE溶液（10mM Tris-HCl (pH7.4), 1mM EDTA (pH7.4)）を500 μl 加え、溶解後、ゲノムDNAサンプルとした。

【 0 0 6 7 】

(2) PCR

ゲノムシーケンスは、GenBank DNAデータベースから得た。RepMask コンピュータプログラムを用い、リピート配列を除いた後、PCR産物が1kb前後になるようにPCRプライマーを設定した。ゲノムDNAは、同濃度に調製した血縁関係のない48人のDNAを使用した。それぞれ3人分のDNAを1本のチューブに同量混ぜ、このうち60ngをPCRに使用した。PCRは、Ex-Taq (2.5U; TaKaRa) を使用し、GeneAmp PCR System 9700 (PE Applied Biosystems) を用いて行った。94℃で2分間反応後、94℃で30秒の変性、60℃又は55℃で30秒のアニーリング、72℃で1分の伸長を行い、これを1サイクルとして35サイクル行った。

【 0 0 6 8 】

(3) シーケンス

PCR産物は、ArrayIt(Telechem)を使用し精製を行った後、BigDye Terminator RR Mix(PE Applied Biosystems)を用い、シーケンス反応を行った。GeneAmp PCR System 9700(PE Applied Biosystems)を用い、96℃で2分間反応後、96℃で20秒の変性、50℃で30秒のアニーリング、60℃で4分の伸長を行い、これを1サイクルとして25サイクル行った。シーケンス反応後、ABI PRISM 3700 DNA Analyzerにてシーケンス解析を行った。

【 0 0 6 9 】

(4) SNPの検出

SNPの検出には、PolyPhredコンピュータプログラム(Nickerson et al., 1997, Nucleic Acids Res., 25, 2745-2751)を使用し、解析を行った。

(5) 結果

表1に示すSNPの結果が得られた。また、解析を行った薬物代謝酵素名とその略号、データベース(GenBank)のACCESSION 番号、薬物代謝酵素の遺伝子の構造とSNPsの存在位置を図9～95に示した。図9～95において、エキソンは水平線で表示した遺伝子上に白抜きのボックス又は黒の線で示した。SNPsの存在位置は、遺伝子の上側に実線で示し、番号を付した。

【 0 0 7 0 】

〔実施例2〕

異なる2グループの被験者についてインベダー法によりタイピングを行った。結果を図57に示す。図57において、横軸(Alele 1)はTに対応するFAMの蛍光の強さを、横軸(Alele 2)はCに対応するVICの蛍光の強さを表す。斜線入りの丸はSNPのパターンがT/Tであり、黒丸(●)はC/C、白丸(○)はT/Cであることを示す。黒四角(■)はバックグラウンド値を意味し、×印は判定不能を示す。パネルA(上)のグラフに示された被検者グループはSNPのパターンがC/Cのものが多く、パネルB(下)のグラフに示された被検者グループはSNPのパターンがT/Tのものが多くことが分かる。

【 0 0 7 1 】

〔実施例3〕 SNPの検出

血縁関係のない5人から実施例1に記載した方法により採取したゲノムDNAを試

料とし、3種類の薬物代謝酵素遺伝子(EPHX1, ABCB2, AANAT)中のSNPの検出を、インベーター法により行った。EPHX1についてはNo.3(配列番号49)及びNo.17(配列番号63)、ABCB2についてはNo.4(配列番号4)及びNo.11(配列番号11)、AANATについてはNo.3(配列番号561)の各配列に基づいて設計されたインベータープローブ及びアレルプローブを用いた。各SNPの存在位置は、表1に示されている。

結果を表2に示す。

【0072】

【表2】

薬物代謝酵素遺伝子	EPHX1		ABCB2		AANAT
	No.3	No.17	No.4	No.11	No.3
	配列番号49	配列番号63	配列番号4	配列番号11	配列番号561
SNP	(T/G)	(A/G)	(G/T)	(G/A)	(T/A)
被験者Ⅰ	T/T	A/G	T/T	G/A	T/T
被験者Ⅱ	T/T	A/A	G/G	G/G	T/A
被験者Ⅲ	T/G	A/A	G/G	A/A	T/T
被験者Ⅳ	G/G	A/G	G/T	G/G	T/T
被験者Ⅴ	T/G	A/G	G/T	G/A	T/A

【0073】

表2の結果より、本発明の方法により各被験者の薬物代謝酵素遺伝子中のSNPの検出及びそのパターンの同定が可能であることが分かった。

【0074】

【発明の効果】

本発明により、SNPの解析方法が提供される。本発明の方法により、目的の疾患に応じた薬物の選択をすることが可能となるため、本発明の方法は極めて有用である。

【0075】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> RIKEN

Nakamura Yusuke

Sekine Akihiro

Iida Aritoshi

Saito Susumu

<120> A method of detecting gene polymorphism

<130> RJH12-147S

<150> JP2000-399443

<151> 2000-12-27

<160> 1380

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1

agctaagagt caaagcaccc scTTTTTcca ccagcctcgc g

41

<210> 2

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 2

ccaccagcct cgcgtgcctg ktcccttcac ggacactcta g

41

<210> 3

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 3

ttgcaagcgc tggctgctac mggcgacctc cctgcgctcc c

41

<210> 4

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 4

gcctttgcgcg cggcgctaac ktgtgtaggg cagatctgcc c

41

<210> 5

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 5

aaggaaactg aggccaagac yctaaatgct gaaactgcac a

41

<210> 6

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 6

ccctcaccat ggtcacctg rtcacctgc ctctgtttt c

41

<210> 7

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 7

gtatttcttt agcatccaag kggcatagct gtgtctcttt c

41

<210> 8

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 8

atttcttttag catccaaggg scatagctgt gtctctttct c

41

<210> 9

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 9

ttccttcagg ttaatgactg yggttctttg tgtcccctcc a

41

<210> 10

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 10

gtctctgccc ttgtctttgc ygcttcttct atctctactc c

41

<210> 11

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 11

agcgcacttt tcagctgcgg rtgtctcctc ttttatcatc c

41

<210> 12

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 12

aactgcatca ccttttcctt yaagcttttt aattcctatg a

41

<210> 13

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 13

cattcaggga ggcccaggtc rtgtgacgtc gacagttgct g

41

<210> 14

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 14

aacaccctta ttttatagat ycaatgactg agtcaagaat t

41

<210> 15

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 15

cagcatctct acttatacca ygctctgctt taaggttctc t

41

<210> 16

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 16

actcaaatag gtggtaggag yagagacaat tcaatacaga c

41

<210> 17

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 17

gagcagagac aattcaatac rgacagaagt cttagatgag a

41

<210> 18

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 18

tagttttgcc atgtagaatt saaaaagtga tagatgggtg t

41

<210> 19

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 19

gttaagcctg cttcaatcaa rttagttata ttcttgttct a

41

<210> 20

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 20

ttgacttagc gacactgtta rcatacttat ctttcctgtg t

41

<210> 21

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 21

ccttgctgca cctgtgctgt mtaagtttgg cttattatag t

41

<210> 22

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 22

agtagagaca ggctggcgat sacaccggac agagctaact g

41

<210> 23

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 23

aacagaatca tgaaattaag ytgттаатга tttgaaggcc t

41

<210> 24

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 24

aggataaatt gtttatgtcg yctgggtacc atcatggcca t

41

<210> 25

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 25

ctggttgact ccagatatca yagaaggagt tgtaaaattc t

41

<210> 26

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 26

aatacacagg aagcttctaa rtaaagtaag gaagtcactc t

41

<210> 27

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 27

ctaaagagtg aatggattca rtacgtccct tggaactcac c

41

<210> 28

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 28

ctgaggttcc agcttatctc wtagagatgt ttacttagtc t 41

<210> 29

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 29

tgtagaaga aaaaaagggtt yatattacaa gagggctga c 41

<210> 30

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 30

cccaagatat cttcataact stccatagtg cctagggtgc c 41

<210> 31

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 31

tttaccaga ttcacctatt rttatcatTT ttgctccaa a 41

<210> 32

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 32

tgtcctatac agtttttgtt wtaagtttag taaattgatt a 41

<210> 33

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 33

tccagcttgg gtgacagagt ragacttcat ctcaaaaaa a 41

<210> 34

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 34

tactcttggg gaggctatca scagggtggg tcagatatag c 41

<210> 35

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 35

tgttttctttt ctgtccagat wctctcggca ttttagtgaca a

41

<210> 36

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 36

cagaccacac taaccctcag ytggacctca ggatgtcagt g

41

<210> 37

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 37

tgtggataag aaaatagcat rtggtttagac catttgtgaa a

41

<210> 38

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 38

cagtcggttt ggaagcttgc yaccctttct tcacttcctc a

41

<210> 39

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 39

tttatcttca cttatgtttt nctcagttaa gttatgctaa t

41

<210> 40

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 40

tttatcttca cttatgtttt ctcagttaag ttatgcta

40

<210> 41

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 41

cttgcaaag ttgctcttcc rcaaaaaaaaa aaggaaagga t

41

<210> 42

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 42

agtatctcct aaactcttgc yatgcaggaa aaattatattt a

41

<210> 43

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 43

gaaatatttt actgtattaa ygtctagaac ttaaataataa g

41

<210> 44

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 44

ctgagtcttc ctatacatct wttccattcc tcggatgctg t

41

<210> 45

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 45

cttctcttac cttgaattct mggctctcga actttgactt t

41

<210> 46

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 46

agaaaaatgaa attgccctac ygagctaact ctgaaagcac a 41

<210> 47

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 47

tgcaaaatgt gtcttactag yttctagtgc ataaaaatatt g 41

<210> 48

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 48

aaatattggt ggagctcttc rctgtgctgg gccagtcacc a 41

<210> 49

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 49

aatccagaga gggagataga ktggaagttc aagggtggac a 41

<210> 50

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 50

ttccaagaca gagcgagggg ygctgctggg gcgtggtttg c

41

<210> 51

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 51

aactcgatgc tttctcctcc ktctgggtcc taactgcagt g

41

<210> 52

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 52

gaaatgtaac aggcaacact rtggacacag aaagtagatt a

41

<210> 53

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 53

atttccaaaa tctgtttggg kgtaactgaa acacttgga a

41

<210> 54

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 54

taccctcact tcaagactaa rattgaaggt atgtttgcaa a

41

<210> 55

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 55

ctgtcaatac catgaagggg sggcgggggc actaagggtg g

41

<210> 56

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 56

agaggttcca taactgcccc rtcctcgcca aggggtggcc c

41

<210> 57

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 57

aagggtgggc ccggtgttcc yaccaggctc tccttccggc g

41

<210> 58

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 58

gcagtgccctg aggcacgttg rcttggatcc tcctgtctgt a

41

<210> 59

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 59

tgctggacca agctctggga yagccctgag cagaactccc c

41

<210> 60

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 60

gatgtggagc tgctgtaccc ygtcaaggag aaggtattct a

41

<210> 61

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 61

ggtgcctggc tcccgggcgg mcctcagtac cgctccccag t

41

<210> 62

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 62

tggccctccc agaaaagaga rggccctcag tgaggggaga g

41

<210> 63

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 63

aggtgcagac tcatgcactc rgccctgaag aggtgagaga g

41

<210> 64

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 64

aaagtcactg gatatgcccc ntccccgcc cccaacacg g

41

<210> 65

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 65

aaagtcactg gatatgcccc tccccgcc cccaacacgg

40

<210> 66

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 66

aaagtcactg gatatgcccc yccccgcc cccaacacgg t

41

<210> 67

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 67

aagtcactgg atatgccct yccccgccc ccaacacggt c

41

<210> 68

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 68

actggatatg cccctcccc scccccaac acggtcttat g

41

<210> 69

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 69

ctggatatgc ccctccccg scccccaaca cgggtcttatg t

41

<210> 70

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 70

tggctgcttc tcaatgaata ygaacagtgt ctgtttccat g

41

<210> 71

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 71

gagcattagg tcagaatcca ytgaagtgag ctttgagatc a

41

<210> 72

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 72

gtgtgtctct actttaatct rcaaaaggtg attgaatgga g

41

<210> 73

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 73

caagagtggg atgttcaagg ycatcctgac ctacttttg a

41

<210> 74

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 74

tctgtctctc ccggtgggtg ygctgtcttg cagctgtctt a

41

<210> 75

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 75

atgtcgtgaa gactgatgaa ygatggacgg ctgcactgct c 41

<210> 76

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 76

gaacaggatg gagatgagct ygtttatttg tcttttaatg a 41

<210> 77

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 77

tgaagagacc tcgacatgtc kcatcccaca tactacaggg a 41

<210> 78

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 78

atcttctcag ctgagcaaac ygaggctcag agggcttaac c 41

<210> 79

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 79

ttaaccccaa ctggccaag rccaggtaca tgattgggtc a

41

<210> 80

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 80

aagtcctttc aagagattat yataagtagt accttctcat t

41

<210> 81

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 81

agattattat aagtagtacc ktctcattat aggaatattg a

41

<210> 82

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 82

cctgagtcgg actttcaaaa kcctcttcag agcaagcgat g

41

<210> 83

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 83

ttgtcgtaac agggttttca katgagcata tttcctttgt a

41

<210> 84

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 84

atgcataaag tctgtgaagc rggtaagaga catgcttggg a

41

<210> 85

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 85

ggattgagag cttacctcta ygggggtcac ctcgtgtatg c

41

<210> 86

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 86

attcccttat tccttcacac ygtctgtcac tcattcattc a 41

<210> 87

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 87

gcacaggctg ggtatgaagc yggggctgca tgctcagcta c 41

<210> 88

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 88

agagggtttt cactactttt yagtcatggc tcctcagaga a 41

<210> 89

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 89

tcctcatttg tcaagcagaa satgagtttc caatctctgg g 41

<210> 90

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 90

gtaagtgaac aactgctac rtgccagact tcctgccaga c 41

<210> 91

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 91

gtcattatca tcatatgacc ratgaaaatg accaaactgc a 41

<210> 92

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 92

aggtggcctt acacacatct ygcattgatg gcagcattgt t 41

<210> 93

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 93

tggttcacgga gaatgcacgg yatgggggatg aaccctttcc c

41

<210> 94

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 94

tagccacctg cttttctccc rgcttccta gcagagtttg c

41

<210> 95

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 95

ctcggaaagc tgagctcagg ragacagctg tccccggggt g

41

<210> 96

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 96

cactgacctc cttgccctga ragaaggccg gctcctgtgc t

41

<210> 97

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 97

ataattttcc tgacgagctc wagtgctccc tctgggtctac a

41

<210> 98

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 98

ccccactaat gtgagtcata yagatggagt ctcagggcac g

41

<210> 99

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 99

ggataaaaac gaatattggt rtagcgattc cacagtttac a

41

<210> 100

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 100

agataggccc atgtgtgtgc rtgttagtaa atttgtgtat g

41

<210> 101

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 101

gctgtagcca tccaagccta yagaacttgg ctgtgagtgt g

41

<210> 102

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 102

atcatctgac tggttaagttc yagttctgtg gtaactcaag t

41

<210> 103

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 103

atttcatgga gggaagtcca yggtagaagc aggctgctag g

41

<210> 104

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 104

ggctcagtgg ttggggccca rtggttcac taggacggga c

41

<210> 105

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 105

aagaggtgaa tggctgcggg rggctggaga agagagatgg g

41

<210> 106

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 106

agctcagcag acctcctggc ygtggtgggt agctccttc c

41

<210> 107

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 107

actgtccaga cgggagtatc yactgcttg gtgagcccca c

41

<210> 108

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 108

accgtcccca gctggcccca rcctcctgac atgggcctct g

41

<210> 109

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 109

ctggagccag gctgcagccg magtgcctgg ccatcctggc g

41

<210> 110

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 110

gtccaggcac tgtggcccta ygtgggagtc tccagtctcc a

41

<210> 111

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 111

ggcagtggtc caaggaccag satggactcc ctcttctcac c

41

<210> 112

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 112

atctgtaccc tcgcggactc yacctggctt cgtgccatca c

41

<210> 113

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 113

cgcggaactct acctggcttc rtgccatcac ccccgccaga t

41

<210> 114

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 114

tcaggtgtcc cctccctcat rctctctcac cctgccctct c

41

<210> 115

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 115

tgtaaggaat cctgccaaga yggcagatgc acacggggtc a 41

<210> 116

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 116

ctcctgcaca tgtgctccag rgaggaaagg catttgacag g 41

<210> 117

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 117

ggcatgtgtg tgtgtgtgta kgtgtgtgag tgtgtgcatg t 41

<210> 118

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 118

tttctggacc agaaagcgtc rtcctctgcc agggcctctt g 41

<210> 119

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 119

gccagggcct cttgcacttg ygggaaagct gagctgagct g

41

<210> 120

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 120

ctgagctggg cagcagcatt rctctgtgtg ctgctggcac t

41

<210> 121

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 121

agcagcatta ctctgtgtgc ygctggcact ggcctggtgg g

41

<210> 122

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 122

gacaaagtgt acaacaaggt rtctcgaact gggtcagctc a

41

<210> 123

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 123

ccatttcctgg gtcttctttg raggctgaat gaaattccat g

41

<210> 124

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 124

tctgccccac ttgtctcaga sgtgcaacaa ggccttcagg a

41

<210> 125

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 125

ggacactggc ctgatgcaga sgtgtggtct ctctcctgca g

41

<210> 126

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 126

ggccagggca cccctaccag sctgagtcct acctgtccag c

41

<210> 127

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 127

tacccgcctt cccagatgga rcgggctgct catgggactt a

41

<210> 128

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 128

tctgggtcccc tctcctgctt rtagtttcct gggctaaaat c

41

<210> 129

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 129

tgggaccagt gccgccacca yggcccaagg acctggtgtt c

41

<210> 130

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 130

gggtccagg cacacagcgg ycccagtaca cctgtcgtt t

41

<210> 131

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 131

tccgtggaac tcagagatgg yacctccctg cgagggtggg c

41

<210> 132

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 132

aactctcccc tgctgctgag rcagatcttg gagcctcggc c

41

<210> 133

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 133

ccgccctgtg cttcatgccc yctatgcctc tcactgcctg g

41

<210> 134

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 134

gtcctgaggc ccctcccacc rgagcctggg gtgccctcac a

41

<210> 135

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 135

gctgtgactg tcttggagac ygggtcttgg cgggcctggt g

41

<210> 136

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 136

ccaggagcct ctgaggcagc rggggcttct caaccacaca c

41

<210> 137

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 137

attttgtcag catgtcacgt ycctttcata atgaagcaag g

41

<210> 138

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 138

acagcactgc gggagccacg rcattctgcag acgcatttga t

41

<210> 139

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 139

tggactctct ggcgtccatc yagccacttc agtgcgacgt g

41

<210> 140

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 140

ggctggctgg gccctgggat satcgtgaca ggcttttagtg g

41

<210> 141

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 141

acaggtggga gccgaggctc kggaggtggg ccgggctgag c

41

<210> 142

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 142

ccgcttcccc gtgctctggc ygtagcagaa agtgtccac t

41

<210> 143

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 143

agcctccac tgccttgtgg ytgaggggag ggggccgggt c

41

<210> 144

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 144

tctaacgctg tcttctttgt wctgaaaacc aaacaccttc t 41

<210> 145

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 145

tgccgggcag cggggaggga rggcgagtgg ttcccccaag t 41

<210> 146

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 146

gtgcaggcgc cctgcatccc ygcagccaag ttctgggcgg a 41

<210> 147

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 147

gacactgccc tgagccagga yggtaggtg ggacgccttc c 41

<210> 148

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 148

tgaggggttg ggactctaca raggagagtg gactcacggg g

41

<210> 149

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 149

gacaccttt cactgtcagc kctgagacac gcccctgccc t

41

<210> 150

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 150

caggccagtt ggaatcctac rtagagtgaag agcatctcag c

41

<210> 151

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 151

taagcagtta acactgatgc rtgatgaaaa ttccaacagc a

41

<210> 152

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 152

cctccaggtg gcaggaacac ygtgaggagc atgcaacgtg c

41

<210> 153

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 153

gtgggctggg acgccaggac rgtgaggggc ttcaaggtgt g

41

<210> 154

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 154

ctgggacgcc aggacggtga rgggcttcaa ggtgtgtttg t

41

<210> 155

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 155

ggaggagctg aaagagctgg rgctcgggat caggtggttc a

41

<210> 156

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 156

actttgaggc accaccgcac mtgtccgtgc gtgagggaga c

41

<210> 157

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 157

tcccagtggt ggctctgtcc ycgtctcagc cgagcactca g

41

<210> 158

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 158

ccgtctcagc cgagcactca kcggccaggg tggctggact c

41

<210> 159

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 159

ccacaggccg gatgccttga yacttctcag ctgcagggt g

41

<210> 160

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 160

tggagagacc acctcagaca scaaggacgg gcatgccatg g

41

<210> 161

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 161

acctcagaca gcaaggacgg kcatgccatg ggtcccggca g

41

<210> 162

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 162

atgtctcaaa tctccctccc ygggaaatct aggcacaggt c

41

<210> 163

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 163

caggcccagg agcaggtggg kcctcctcac aggagcaggg c

41

<210> 164

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 164

actctgagca tgctggctcc ytccttcttt ccagggcagc a

41

<210> 165

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 165

cctggttgtg cttcggaccc rgaggcagac agaggaggcc t

41

<210> 166

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 166

acaatgactg ttggagccct ygagcaggct gtgtcacgtg g

41

<210> 167

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 167

actgggggat cctgaatccc rcctcctgat gccagtggag c

41

<210> 168

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 168

cacagtgtga actgttaggc sacagccaca tcttgccgga g

41

<210> 169

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 169

gagatggggg cggttcggga rgcaaaagca ggaaggcaga a

41

<210> 170

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 170

gcatgtgcat gggcagaggc ygttcccatc tgagtgggac c

41

<210> 171

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 171

ggccgcgtgc tcctgcagcc wtgggctcct ctggcagttc t

41

<210> 172

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 172

cccagggaca gatcttctcc rccagacgtc tctttctgcc t

41

<210> 173

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 173

gcagataatg tgcagctggg rtgcatgtgg ttgttgctcc c

41

<210> 174

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 174

tggcctgcta ctctctaagc stcaccatcc tgctcctgaa c

41

<210> 175

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 175

ggaggaagtc agcttcttac mgatggtggc tcccagcttt c

41

<210> 176

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 176

ttttctcctc tcaccttttg ygttcagagg cagaggtgtg c

41

<210> 177

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 177

gttgggccag gctctgacag raccctcggg accagctcct g

41

<210> 178

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 178

ggagccctgg ctgaagaagc sttacgacca aggcctggag g

41

<210> 179

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 179

ggaçaggccg ggggttgagc rgctgcatga aggagggagg g

41

<210> 180

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 180

tcaccagagt gatttcctcg mggcaggtgc ctggggtagc c

41

<210> 181

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 181

gaggcaggtg cctggggtag yactgggcg ggggtccatga g

41

<210> 182

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 182

ggagagtaag ggggtggggg rcacttagga cagggaagct g

41

<210> 183

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 183

ccaggtgggg ccgtgtgcct stggcctggt gtgtggccca g

41

<210> 184

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 184

cagggaagct gggccctgaa ygagctgggc ttttgggcca c

41

<210> 185

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 185

attattgtga gcatgggaag wgcacatttg gtcacacatg t

41

<210> 186

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 186

gcctggctag acgcccacca rtgaccctga tgatggcagc a

41

<210> 187

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 187

tttgggtccag gaagggggac rgcagccagg agcgtctgga t

41

<210> 188

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 188

atggagatgt gctcccccg sgggtcagag gacctgcggt c

41

<210> 189

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 189

ctctggggga cgcataagcc rcctccagag gacatcagcc a

41

<210> 190

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 190

gggcttccag gtgtctgagc yccccggcat gtaggacccc a

41

<210> 191

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 191

ggctttgggg gaccctggac ycatttctag aaaacagcct t 41

<210> 192

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 192

ccagggctcc caggtcagag yggccatggt agcttacaat g 41

<210> 193

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 193

tacttaggag gcgtcagggg ytcacctggc catggccatg g 41

<210> 194

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 194

gatgacactg tcattcctaa rtgaatggcc ttgtgctgac c 41

<210> 195

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 195

ccaacgccgg cattagtcgc kcctgcgcac ggccctgtgg a

41

<210> 196

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 196

cgttgcaactg taggactctc yccacgtccc ctaatcccat c

41

<210> 197

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 197

gcagttcccg cggatagaga rrgtccggtc cttcccgctg t

41

<210> 198

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 198

tgtgggtgaa ctgtaaaaaa ytgctgtat tcaggaggat a

41

<210> 199

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 199

cttcaactaa tctgggaaca ytacactctg tttaattttc a

41

<210> 200

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 200

tgggaaagct gaaaagggat kctgagacct gtggttgggg g

41

<210> 201

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 201

ccgacggtca accctaccac yggggaggtc attgggcacg t

41

<210> 202

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 202

cgtgaaagca gcccgggaag ycttccgcct ggggtcccca t

41

<210> 203

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 203

gcggggccgg ctgctgaacc kcctggcaga cctagtggag c

41

<210> 204

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 204

acttgccccg gcactcgcca yaggcaacac tgtggttatg a

41

<210> 205

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 205

aaagtgaac tgtaagaccc rtagagaaaa actctgttc c

41

<210> 206

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 206

tgccgaaatg cggcagatga ygactgggga cctgaaccct c

41

<210> 207

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 207

acttaccact ctgtcctctc ytgccaggcc tcttcctgtc a

41

<210> 208

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 208

ccgcacatct gtaccctgcc sccatcctcc agcagagcag c

41

<210> 209

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 209

tcagtcatgg gttctctggg yccaacttca ccgctgactg a

41

<210> 210

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 210

aggaggccgg gaggcaggcc ccctcagac cctctggctc a

41

<210> 211

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 211

gggagtcctt gggggaagcc kcatgtaggg aagcaggcct c

41

<210> 212

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 212

ggataaggac atcagaggtg rgcgctaagc cagcagcagg c

41

<210> 213

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 213

atctcttacc cacaccccca scatggtggg gaggttcctc a

41

<210> 214

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 214

ccatggtggg gaggttcctc rtcctaagg atccgcagag c

41

<210> 215

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 215

tccctgcctc cctccttcag rgagctcaga aacaccttca a

41

<210> 216

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 216

ggaaaccct cagaaccagg ytccaagcca aatgctttgc c

41

<210> 217

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 217

cagaatacaa aagtgggatg sgaggcaagg agtcccgtta g

41

<210> 218

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 218

ctcgaggtgg agcttagccc ygtgccagga gcaatgggac t

41

<210> 219

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 219

ggagtcagtc ttcacttgca mtgggggaac agatgcta a

41

<210> 220

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 220

ttatccagta aggtggctcc rtcacctctt ttcctggtgg g 41

<210> 221

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 221

gacggccagg tccggatggt kgtgggagct gctgggggca c 41

<210> 222

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 222

aggaggttgt aggggcttgg mctgaatddd gttccttgac t 41

<210> 223

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 223

gggaaggagg aaaggaaaga rggggagggt ggttctgctt a 41

<210> 224

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 224

taacaccgga cgcccagcag magtcccagc ttcttagaat c

41

<210> 225

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 225

agcaggcccc agccctgccc rctactcacc tgggccccac c

41

<210> 226

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 226

tttctgttgc accacggacc stcattctgt aaccgggata c

41

<210> 227

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 227

gtaaccggga taccagccag rgatggggag cgggaggcgc a

41

<210> 228

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 228

tcctgcggct cctactgggg mgtgcgctgg tcggaaggtg a

41

<210> 229

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 229

tcactcaaat agagctgagt yagtcactca gctcttggac c

41

<210> 230

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 230

acaaactcac atgccaccag scatatgatg taaacatgta a

41

<210> 231

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 231

aaagcagagg gctgtgcagg ygcccctgcc cctaggctag g

41

<210> 232

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 232

caaaggcctc atcctcaggg mggccaactc ttctgtttta g

41

<210> 233

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 233

actgcccagc tttaggttca yctttgtaag tgttgctggt g

41

<210> 234

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 234

ctgcccagct ttaggttcat ycttgtaagt gttgctggtg t

41

<210> 235

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 235

gcccagcttt aggttcattc ytgtaagtgt tgctgggtgc a

41

<210> 236

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 236

ccctgcgctt tgaagggatg ratgtgacct ctcccacatt c

41

<210> 237

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 237

tggtgtggcg gttcactgat yccccagcct tctgctcgat c

41

<210> 238

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 238

atggcaggta atgattcact rttgtggagt aagacttttt t

41

<210> 239

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 239

gccacgtgga agtgataaaa ytatctggaa ttatcttggt t

41

<210> 240

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 240

caccctgttt agcacctagc mcatccctg gcctctgccc a

41

<210> 241

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 241

agtagcacc ctccccacc rgctgtgaca aaccaaagt t

41

<210> 242

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 242

ctgatttgta tgccatgaac yttgagccga gggccacaga c

41

<210> 243

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 243

aatgctctat ttataaaaac yatctttatg ttttttactt t

41

<210> 244

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 244

aacgtgggca taaaccacca yctagtgccca aaaagcaggt g

41

<210> 245

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 245

tgccctctgca cacccttcc ygacaccage cctttcttta c

41

<210> 246

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 246

tcggccggcc acgtggagcc ygctttcctc ctgcaccca c

41

<210> 247

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 247

tgggtgttacg cacagctcct ygtcccctcc ctgcctgccc a

41

<210> 248

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 248

ctgtactgggt tcagcgtgcc rgccatcctg aagggtgga t

41

<210> 249

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 249

atcccaggat tctacgattc yggtttgctc caggatatgtg c 41

<210> 250

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 250

gtatgtgctc ttggataagg wtcactatgg atagttggag g 41

<210> 251

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 251

atggcaaaca agggagtggg ycaggtgtca ggtgacgggg g 41

<210> 252

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 252

cccccttaa atcatttaac ygaatggtat gtaacaggtg t 41

<210> 253

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 253

gcagagtaaa gggactcact saagaagagg aacgtggggg t 41

<210> 254

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 254

gaggggtata ttcatgaaga ktccaggaaa aggtaaagat t 41

<210> 255

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 255

cggtttcata tggtactgat yatacaatga gatcctaggt g 41

<210> 256

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 256

ggtttcatat gttactgatac rtacaatgag atcctaggatg a

41

<210> 257

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 257

catatgttac tgatcatatac rtgagatcct aggtgaaacc t

41

<210> 258

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 258

aaccctgcat tccccacaca rcaccacaaa tcagccactg c

41

<210> 259

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 259

gagccaccct gcctaggcct rtgctttttgc tgagtcacat g

41

<210> 260

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 260

gctgggggtc ccagcaggaa rtggtgagac aaagggcgct g

41

<210> 261

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 261

ctggctggca gggagacagc mcaggaaggt cctagagctt c

41

<210> 262

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 262

gagacattca cacaccctga yatctgggcc ttgcccgcg a

41

<210> 263

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 263

ctggttttca gccccagccc ygccactgac tggctttgtg a

41

<210> 264

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 264

agccccagcc ccgccactga stggctttgt gagtgcgggc a

41

<210> 265

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 265

tgtgatggtg gtaagggaac rggccttggt ctggcccctg a

41

<210> 266

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 266

catgaaggag gtgagaccac stgtgaagct tccctccatg t

41

<210> 267

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 267

ggaggtgaga ccacctgtga wgcttcctc catgtgacac c

41

<210> 268

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 268

gaagcttccc tccatgtgac wcctgggggc cggcacctca c

41

<210> 269

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 269

ctcacagga cccaccaggg ycaccagcc ccctcccttg g

41

<210> 270

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 270

ttggcagccc ccacagcagg mccggattcc ccacctgccc t

41

<210> 271

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 271

gcagccccca cagcaggccc rgattcccca tcctgccttc t

41

<210> 272

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 272

ctccctgcc aagggtgtgc yacccagggc cacagtcag g

41

<210> 273

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 273

ttttactttt cctgaatcag yaatccgagc ctccactgag g

41

<210> 274

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 274

aatccgagcc tccactgagg rgccctctgc tgctcagaac c

41

<210> 275

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 275

ccctctgctg ctcagaaccc saaaaggag attcaaaaga t

41

<210> 276

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 276

gagtttgtgg ggcactccct rccagaggag accgtggact t

41

<210> 277

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 277

gctgtgagag gggctcctgg rgtcactgca gagggagtgt g

41

<210> 278

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 278

tgttctttct tggttctatg satccatgct ctgctccacc c 41

<210> 279

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 279

tgtgggttgc actgggccag racccctggc accttcaaga c 41

<210> 280

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 280

ctttccaggg cctgcctatc ycagctttct ccttcttgcc t 41

<210> 281

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 281

tccagggcct gcctatccca kctttctcct tcttgcctgg g 41

<210> 282

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 282

actgcgggcg aggagggcac raggccaggt tcccaagagc t 41

<210> 283

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 283

ctgactggcc ttgtgagtgc rggcaagtca ctcagcctcc c 41

<210> 284

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 284

gagctgatcc aggacatctc ycgcccgcca ctggagtacg t 41

<210> 285

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 285

gccacccacc ctctcccagg yggcagtcac caccttggcc a

41

<210> 286

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 286

cagcaaccct gtgtcggcac yccctgcccgt cttctccagt g

41

<210> 287

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 287

actggggtcc caggggtcga sgagctgggt ctatgggttt t

41

<210> 288

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 288

gctctgagct gtgagagggg ytcctggagt cactgcagag g

41

<210> 289

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 289

cctccccgct ccagctcctc wacttgccct gtttggagag g

41

<210> 290

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 290

ccactgactc ggggcttgcc maggctgccca gggctggcaa a

41

<210> 291

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 291

cctctccctt ggaggctgct ytaccgctg tgggggcgca t

41

<210> 292

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 292

tcccgtagcc caggcaagtt yggtagaccag agagcagccc c

41

<210> 293

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 293

cctgcttctc cctttacctg kctggctgtg tgaccttgga c 41

<210> 294

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 294

taggaatggc taagcgtgtc rttggcttct gtggccactc a 41

<210> 295

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 295

cattctcact gatgcagacg raagcttctg ggcctgggcg t 41

<210> 296

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 296

cacccttggc tttaccagc rtggaaacat tttacctgaa t

41

<210> 297

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 297

gcgtgggctt ctggagggag ygagaggaga gtggagggcc c

41

<210> 298

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 298

agcttgaaat gagccagact ytcctgggac ctgttgaccc c

41

<210> 299

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 299

agtactttgt tttatcctcc ycatcctcac aactttgcca t

41

<210> 300

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 300

gccaggatcc cttgagagac racatgaaca cagccaggag c

41

<210> 301

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 301

tgcttcgggc tgggcttggc rggggcagct gtgctccagg c

41

<210> 302

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 302

caaactgggg cccttaatgc ygcacaccag agcctccttt c

41

<210> 303

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 303

ctctcacaca agggcggagc stcttcccct tgaggcagag c

41

<210> 304

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 304

agacagaggc tggggccaag ycagggttgc cggagcttcc t

41

<210> 305

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 305

gccaagccag ggttgccgga kcttcctgga ctggtcaggc c

41

<210> 306

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 306

ttttcctctt agagcttccc rtcgtgctct gtgtcgaggg c

41

<210> 307

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 307

caggcgggga gcctgaatgc ygcagtcgtg aggggtggcca g 41

<210> 308

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 308

tcataaaata atgatatcag yacacttttt ggaaatttga g 41

<210> 309

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 309

ctctgtgccc ggtgttgaga maggccatgc cctagagtcc t 41

<210> 310

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 310

gccatgccct agagtcctgg rgagttccac cccagaacag c 41

<210> 311

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 311

gaaccatctg ggagtcgttc ygtactgccg tgccgagggc c

41

<210> 312

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 312

agccatagta gctagccagc ratcagcgct gggaggggag c

41

<210> 313

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 313

actccacttc ccctgaaccc yacccttcc ttctcctct g

41

<210> 314

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 314

gcgtgccgaa ggcgggaggg ytgggatggc tcaagacgtg a

41

<210> 315

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 315

ccagctgact cccacaccag yggtcagaga acattgtctt t

41

<210> 316

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 316

acattgtctt ttaaggtttc ygaagtgctg caataaagaa a

41

<210> 317

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 317

tctgatctca gagagctgac ratggaaaga attctaaacg a

41

<210> 318

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 318

agaccggtgc ctgcagtta kccacagct cagccctccc t 41

<210> 319

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 319

ggaagggcca gggctgcctg ygatgccag agcagtgcac t 41

<210> 320

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 320

agatcatact cgctcctggg rtgtttatta aacacctgcc a 41

<210> 321

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 321

gttcccggcg ttgcgtcgag sgtttctgct tgtgggggta g 41

<210> 322

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 322

tccaaagcct gtcttcctga kttcctgtgg aaggagagtc c 41

<210> 323

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 323

accgccacc atgccagct matttttttt gtattttttt t 41

<210> 324

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 324

agaaaagcag attaatgtaa sagtgacgct tagacaacaa g 41

<210> 325

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 325

ggcagaaaga gaatatagca rctattaaac acaaataaat t

41

<210> 326

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 326

tattgctgtc cacctgggtca rtgtgtcctg ctgataagtg c

41

<210> 327

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 327

aatacaatac ttattctgta yaattctaga gggcccagag a

41

<210> 328

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 328

tagaacaagt gaatatatta ygttcttagt ggtttatggt t

41

<210> 329

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 329

tacgttctta gtggtttatg kttggcagtt ttcccccaac a 41

<210> 330

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 330

tcaagacatt taataatgca yatgtttcag ctaacccttt t 41

<210> 331

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 331

ttatagtggg tttaagcatg rtttctaaaa aatttaaata a 41

<210> 332

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 332

aaaacattag aactgggaag rttaaaaaat ctttagtctt t

41

<210> 333

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 333

tatgtgcacc ctaataacat rtttccttaa aactagtact a

41

<210> 334

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 334

ttggaaggta acttaatgta rgtgcctgaa aaacagggat a

41

<210> 335

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 335

gaatggggat ttccctcagt sctgcccact ggctgctctt g

41

<210> 336

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 336

acctgttgcc ttaaactcac rcctgctttg tttttccagg t 41

<210> 337

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 337

tgctggggaa gaaagatcag sgtctgggac ttgttgattt t 41

<210> 338

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 338

agcagggcac gtcaccctcc yggcacaccc atgtgttcac c 41

<210> 339

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 339

ttgttatttt cattatgaac yatgaaatat ttcagctgaa a 41

<210> 340

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 340

gttgctgtga catgttctaa kgtttttag aacacgtgtg c

41

<210> 341

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 341

acgggtgcttg gcctgcatta ycattttgta gtgaagtttc t

41

<210> 342

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 342

tcacctatca tcctcactgc raggatgcca ggatacctcc c

41

<210> 343

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 343

cttaagccat cgtgcaggtc rttgctgtct tctgctcact t

41

<210> 344

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 344

cccaggctgg agtgtagtgg ygtgatctcg gctcactgca a

41

<210> 345

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 345

ggagtgtagt ggtgtgatct yggctcactg caacctccgc c

41

<210> 346

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 346

ctcggctcac tgcaacctcc rcctcccggg ttcaagcagt t

41

<210> 347

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 347

aatgttcagt ctctcaattc ytggtcatct gatttggtcc t 41

<210> 348

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 348

taaataaata aactattggt ycctttcttg tcttataagg t 41

<210> 349

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 349

tactgcagcc tgatacttct yggcttaagc catcctctca c 41

<210> 350

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 350

caccccaggc tcctgagtag ytaggactgc aggtgcacgc c 41

<210> 351

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 351

cccaggctgg tctagaactc stggccgtaa gggatgcccc t 41

<210> 352

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 352

gttgatggcc ttatttatac rtttccatta cagcttctag t 41

<210> 353

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 353

caaatatattg aaaatgggac scaggcctga ggaagagctt t 41

<210> 354

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 354

taagctcagc atttctgagc rtgtgctgat tttaggaaat a

41

<210> 355

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 355

gcgtgtgctg attttaggaa rtaaacagtt atcgattga a

41

<210> 356

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 356

gattcaacgt acataccagc ygacattgac aggtgaatgg c

41

<210> 357

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 357

gtctccttaa aaggtggctc kctgcccctg gcttgcccca g

41

<210> 358

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 358

aagaccagcc tgaccaaaac rgtgaaaccc cgtctctact a

41

<210> 359

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 359

tgggaggcag aggtcgcagt ragctgagat cacgccgttg c

41

<210> 360

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 360

ggacttcact ggggggttccc rctgcttctg ggtggccccg g

41

<210> 361

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 361

gtttgtctga cactggggac rgggcaggaa gcaccactat g

41

<210> 362

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 362

aaagggattt ttttgaactt sgtaattcaa agatttaaga t

41

<210> 363

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 363

tcctgggtac agagttggcc ktgaacaaac atgagtcctt c

41

<210> 364

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 364

cttccccact ttcagatctc ygcaaatgac ttcattgcc a

41

<210> 365

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 365

cgcttcgatg cggactatgc rgagaagatg gcaggctgca g

41

<210> 366

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 366

agagctcccc agagaggact rtgaggctgc atgatgcatg a

41

<210> 367

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 367

gagtgaacc cccatctcta yaaaattttt tttaaaaagt a

41

<210> 368

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 368

atgcctaagt ttacagtagc yaggcaggaa aggcaaac a

41

<210> 369

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 369

ccagagcctg aggttggtgc wggggcccct ccatggctgc c

41

<210> 370

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 370

ctatctctcc agtgcctctc ygtccctgtc tggaccctgc t

41

<210> 371

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 371

ctgtccctgt ctggaccctg mtggggggcc acagagcagg c

41

<210> 372

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 372

tcactagttt cctgctgctg rtgtactcct atgccgtgcc c

41

<210> 373

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 373

tcgtctgagg tcaggagttc ragaccagcc tggccaacat g

41

<210> 374

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 374

ttttgtccta taaaatggca rtttcatgtg gcccaagctg a

41

<210> 375

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 375

gaggcagtga tccgggcca yggctcggcg ggggagtgcc a

41

<210> 376

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 376

gcaaattttt ggtattttta ktacagtcag ggttttacca t 41

<210> 377

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 377

gcagatctca ctttctggca rattccctga atttgctccc c 41

<210> 378

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 378

ttcatagggc ttttcctca yttgttttgt aattttgtat a 41

<210> 379

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 379

gaaaagagac tagaggcagg rgagctttgc agttcttcta a 41

<210> 380

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 380

tggtggcag gaaggtgagg sagtcctctc ttctctggtc c

41

<210> 381

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 381

acatgaaggc aggatccaga ytgaatgttt ggagggaact a

41

<210> 382

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 382

ggctcacgcc tgtaatccca scactttggg aggccgaggc g

41

<210> 383

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 383

cactttggga ggccgaggcg sgtggatcac aaagtcagga g

41

<210> 384

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 384

tcctgttaac tcacagagaa yggaagggct ggaacgggac c

41

<210> 385

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 385

acactaatgg ccttacacga satggaggat tttacatttg a

41

<210> 386

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 386

gtagacttgt ttatttattc mttcccaatc taggccctta t

41

<210> 387

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 387

gagtgtgtga gctagaaagg kgatcctgag tctgatttgg g

41

<210> 388

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 388

gggctactat cagcagccac yacctcagga aggatgactt c

41

<210> 389

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 389

aagacttgga agcaaataga kaaaaaaaaa atcgtagaaa t

41

<210> 390

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 390

caaaatctcc aaacacccta raaggaaaga atcttttctt t

41

<210> 391

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 391

ctgccttctt taatggaaca ytctcacttc tcttcaggaa t

41

<210> 392

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 392

ctttgtgttt actttgtttt yacttggtac aaaagtgttg t

41

<210> 393

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 393

tctgtctcta gagatggagg mgtcccacag ccacagtgat g

41

<210> 394

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 394

agctactgaa cctctccac rtaactgtat ttcaggggca g

41

<210> 395

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 395

acttgccat aaaatcatta ycattctaaa taaagttaat a

41

<210> 396

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 396

aacatttaaa tagtcattta yagcaatgca caggtataat a

41

<210> 397

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 397

attacataat gctcaaaaat rtcttgaaaa actggttggc a

41

<210> 398

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 398

gtacttgaca ttaaaaaata yctgatgttt atatatccat a

41

<210> 399

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 399

ttaaaaaata tctgatgttt rtatatccat aaatagctaa t

41

<210> 400

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 400

tttaagattg tcctcatatt sttacttcct ttggttacta a

41

<210> 401

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 401

aatgtttatg aaaatagact yttatctggt tttagtggcc t

41

<210> 402

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens.

<400> 402

ctgcatcatg ctgtaaaagg rttgatattt gctttccaac t

41

<210> 403

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 403

taatagaatc caaaggagga matcaagaag atcattagat t

41

<210> 404

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 404

aatacattac ttccatttaa rtagtctgtt tattgtggct t

41

<210> 405

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 405

agatgtaaaa aattattcaa wttttaaaag cctgaaaaat t

41

<210> 406

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 406

tttaaagtgt ctaaatacaca matctgaaga aataagagat t

41

<210> 407

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 407

tcagatccca gttttgttcc kttgattctg agtttccaaa t

41

<210> 408

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 408

tttgaccag gacactgtgt kccactgctg tctaccgagt t

41

<210> 409

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 409

gtagttcaga ttttggaat mttttttcta tatcatacct a 41

<210> 410

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 410

agccggacag tccgccgggc rgtgatccgg gggccgctcc c 41

<210> 411

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 411

gcgctgggga ccagccgccg ygcccgcctc ggagtcgcgg c 41

<210> 412

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 412

aggagtgaac cacatctttg wtttctaaag gcagaaacca a

41

<210> 413

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 413

gcagagacca atgttttggt sctgaggctg gttcagaaaa a

41

<210> 414

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 414

tactgaaaca ttctgcagaa yggtatacta tgagaagaaa t

41

<210> 415

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 415

ggactgggct ctgtacacac ytcgtcttac tgtgtgtaaa t

41

<210> 416

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 416

caaaaccctc ttaatattct rtttctatct gtctcagaac t

41

<210> 417

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 417

tctgtctcag aactgattgc rtgactctag gatcgctata t

41

<210> 418

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 418

agctggaaat tacaggcaca ygccaccaca cccagctaata t

41

<210> 419

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 419

aggcatgagc cacggcgccc rgccaattta tcagcttta t

41

<210> 420

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 420

ttccttgta aaagttacca sggttggcca ggcacggtgg t

41

<210> 421

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 421

gttaccaggg ttggccaggc rcggtgggtc atgcctgtaa t

41

<210> 422

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 422

ttagccaggc gcattggctc rtgtctgtaa tcccagcact t

41

<210> 423

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 423

ttctcccctc tcctcacat ycgcacacag gtgatctaca t 41

<210> 424

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 424

gagggcatcc agctctgggg rctggacctg ggggtttgtg g 41

<210> 425

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 425

ttccacgctc cttccttggc ygagtgcctt ccctccgctg a 41

<210> 426

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 426

cctgcagaag ggggtccctt ycatgtccaa gcagtaatgg c 41

<210> 427

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 427

taatggctgc agcatggagc rttgtggggg cattgagaca g

41

<210> 428

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 428

ccctcttctc caggggtctg yggcgactgg aagaaccact t

41

<210> 429

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 429

atgaagcctt gtgcatctc rctgtgtcgt gccagcacct g

41

<210> 430

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 430

ctgccagaga gaaacaggaa rggaggaaga gccacacaat t

41

<210> 431

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 431

caggaaatga tttggagaag kactggtgcc attgttggca c

41

<210> 432

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 432

ggcctcttag gtttcagcca mgacaggtga ctcttagcac c

41

<210> 433

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 433

caacgtaaga gcgcttctca wtgtccagct cctttgtttc t

41

<210> 434

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 434

aatcccagca ctttgggagg mggagatgtg cggatggatc a

41

<210> 435

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 435

gactgtatgt ctgctattca yataggaaca aataattcat g

41

<210> 436

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 436

aatgaaacc aacaccaaca stgcagagaa gcaaacaaaa g

41

<210> 437

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 437

aagcagctaa attgtgttcc rtacaggtgc aattaggcag g

41

<210> 438

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 438

atggtaaagt tcgcctgggt rcagtatgtc agcatcctgc t

41

<210> 439

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 439

gcacttatcc tagaaaggcc rtttctgaag actcagcagg a

41

<210> 440

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 440

ctggctcccg ccggccaccc ygggaccgca gccacgtctg a

41

<210> 441

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 441

gtagccccag gacaccccca kcctcaacat cccattctgg g

41

<210> 442

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 442

ggagcttcca gtggcttggt yacccccgac tcttcgtcca t

41

<210> 443

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 443

gcagggtcct gcactctgca rggggcaatc acagggtggga g

41

<210> 444

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 444

agcactggaa aaagtacagt ygcacttgta gcggagggtgg g

41

<210> 445

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 445

ctcctgtccc cgcattgagg sgaaggagca gaggtgagat c

41

<210> 446

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 446

gccccaggtc tcatagctcc scattggcag tgctgggatt t

41

<210> 447

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 447

cactgggcag taattggggc rtgggatggg catgagggcc c

41

<210> 448

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 448

gtgttttggc gacttgaaga yctccctagt tcgcgggagt a

41

<210> 449

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 449

acctgagcag aaaattctct ycttcgctga aatgaaaatt g

41

<210> 450

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 450

aagaatttgt aaacatcaca rgcaacttgc agttatattc g

41

<210> 451

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 451

ctataactat ttcaaacata ygaaacaggc ataattggat t

41

<210> 452

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 452

atttagaata ttcatttacc magaaatcca aatataacct g

41

<210> 453

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 453

ctatccagtg acaagaggaa mcaagaacct cagttcaggg g

41

<210> 454

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 454

agtgggcgga ggcgagaagc rtcagtggtc attcctttgc t

41

<210> 455

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 455

gctacatctt gtcagccagt yagaatttta aacacagcca g

41

<210> 456

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 456

acggaaatat ttgtgctgat wcttactgac tgaaatcacc t

41

<210> 457

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 457

catggcctcc gttccttcat rttacagagg tgtgagggga g

41

<210> 458

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 458

cacagtggcc ttatgccttg yagcagggcg cctctcaggc t

41

<210> 459

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 459

tcctttgatg tatcaagttt ygtgctgaat gttttcagtg t

41

<210> 460

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 460

ttacacctgg agaggagcac ygcagcggtc cttaatactg c

41

<210> 461

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 461

agaagcacat tcctgaggaa ytgaagggtg gcacagccag g

41

<210> 462

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 462

cctgatcatt ccctagctgg ratgaggggt gcactctgga a

41

<210> 463

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 463

tctggaaggc ctctcacttc staacccccca ttctggatct a 41

<210> 464

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 464

gattgttcta aatggtgtgt rtgggtctac tgaatgtcca c 41

<210> 465

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 465

acctgaaggg actggtggcc ktccagacag gcctgttttt g 41

<210> 466

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 466

ataattatgg gctctgctta ygaaatttag cttcagacag g 41

<210> 467

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 467

tgctgcccac agagtcggtg rtcactcctg gccactgttt g

41

<210> 468

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 468

ccaggagcat tttcttccat ygaggagatc cccgaaaacg t

41

<210> 469

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 469

ctgagttctg tacttggcag rttgatcgga ggaccacaga g

41

<210> 470

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 470

catgaagggtg acatcatttt rttaatagaa attagcaggc a

41

<210> 471

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 471

aggaggaacc ggacagagac scgggggatc cagtttgaag a

41

<210> 472

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 472

gagaccctgg aggacgatgc yccatacatc ttaaaagagg c

41

<210> 473

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 473

tcaaatatct ttattagacc yggggctaac caggtgaaga t

41

<210> 474

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 474

ccacaccct ccttgagga ygcccggggt ctccacagg c

41

<210> 475

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 475

ggaagcatca cacagcgta rgagccgttt ccttcagtg t

41

<210> 476

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 476

tgaggttctc ctggctagtc rgggtggctt cacccatcac t

41

<210> 477

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 477

gcaagggggc tgctgaaatc scagagactt ttgcagcatc a

41

<210> 478

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 478

gggtggtgtg gtgtccaggg rtccatcttt ccagaatcca t

41

<210> 479

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 479

aggggaggct ttttctacct ragaagggga gtgtctttga g

41

<210> 480

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 480

tccagcagtg cggcttcctg kcaacaaggt aggccctggt g

41

<210> 481

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 481

ccagcagtgc ggcttcctgg yaacaaggta ggccctggtg c 41

<210> 482

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 482

cacacgaagg tgtgcactca yggcctgcag ggcacccagg t 41

<210> 483

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 483

gcatgctttg ctcacttgga mtctccagaa gcagggaaca g 41

<210> 484

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 484

gccgagaccc tcagcaggat rgtgcagtta cagggctgag c 41

<210> 485

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 485

caggttttcta aaataataat ygaaaggtga gtgatgttta c

41

<210> 486

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 486

taaaattttc aggtctgctt ragagttaaa ggcaaagagt t

41

<210> 487

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 487

ccttcttccc caaccctga yggcagactt gggaatttga a

41

<210> 488

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 488

tgcagcttaa gatctgcctt rgtatttgaa gagatataaa c

41

<210> 489

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 489

aaatatagaa tgaaaattat rtattacaaa gctcttaaaa a

41

<210> 490

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 490

caatgagaaa ataaagcaag sagggtagaa ggaggtagaa t

41

<210> 491

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 491

tctaagaaag tagggactat ragaaccctt atgtatctat a

41

<210> 492

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 492

ctatgagaac ccctatgtat ytatatccac catagtattc t 41

<210> 493

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 493

aaaaggcagg ttggaagatg maggagggga gtatgcagaa a 41

<210> 494

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 494

taaccatctt gcttaacctt rtcattttta gccaaagtc t 41

<210> 495

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 495

aatgataca tattcaggaa rtcaaaaatc tctgacttag a 41

<210> 496

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 496

aaatctctga cttagatacc yggcaataat aatcaaattgt a 41

<210> 497

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 497

aattttgaaa gaaattgaag ktctgtgggtt tttatattatc a 41

<210> 498

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 498

taggtatgta ggagggtccc sttatataca tagttgttaa t 41

<210> 499

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 499

tctattccat gaccacaatt kttacctgta acttgaatag t

41

<210> 500

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 500

cctaggaccc aacatgagac rtaatatacc atcagtaaaa t

41

<210> 501

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 501

ggtgtccatt ccctcaagaa kttatacttt gtgttacaca c

41

<210> 502

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 502

agtaacaggc tagtagataa yataaataac tgaggccaac g

41

<210> 503

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 503

tacatgaact tagagaatca rgtagatcac acacaccaac a

41

<210> 504

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 504

cacaccaaca ataaaattac rcagaatgat aaaagaattt g

41

<210> 505

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 505

ttctgatcat gtagtaacaa ytataaagaa aataataatg t

41

<210> 506

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 506

aggcaaagca gaaccttttg mctcacacaa cattatatta t

41

<210> 507

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 507

agattttatt cctctctctt yttgagttga agaaataagt t

41

<210> 508

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 508

cacctttcaa gggtaagtgg maaaaaatag aaattcaaat a

41

<210> 509

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 509

aatcttgctc tttgaaccat wctgtcagtg agagtcaggg a

41

<210> 510

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 510

tgttacagag gacttaaaac rgttgtcttg cttgcaaacg g 41

<210> 511

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 511

cagcctccca agtagctagg rctacagaca tgtgcaacca t 41

<210> 512

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 512

atcatgtgtg gaactggaat ygggtgttat tcaagcaaaa a 41

<210> 513

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 513

acatttgcgg taaagcgata rtttatticca agctaatacat g 41

<210> 514

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 514

aaatggaggc tacatggcta mggctgaatg agcatgacct t

41

<210> 515

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 515

tacaacttgg aggatgcatt kaggctgcag aatatatgtt t

41

<210> 516

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 516

gtctagcaga aaatgaaaag rtggaaggat gagaaaaatt a

41

<210> 517

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 517

ctatttttta aagcgtgcat ycttacataa gacttaaata t

41

<210> 518

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 518

aaggcaatga gagacgaaag kgcttgacaca aggtcaccgc g

41

<210> 519

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 519

atgtattgta cccttcaacc rttatgtacc gagtatctac t

41

<210> 520

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 520

acaattgaca aggcaagatt ytgaaaacaa atcaaaaata a

41

<210> 521

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 521

tgagagaaga gaagcaggaa sttgagagag gaggaagaga g

41

<210> 522

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 522

tatgcattct tctatattat rcaagacaaa aatttttagga t

41

<210> 523

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 523

acactcaggg aacatgcctt rgttcaccat cacaagatta g

41

<210> 524

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 524

ctgcttgaaa aatgagtaag yttctgatgc tttctttgca c

41

<210> 525

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 525

agcaccttct cccagtacac rgtggtggat gagaatgcag t

41

<210> 526

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 526

ttcgtttgaa gtcacggtc rgcttgacac catggtatga t

41

<210> 527

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 527

tgaaactgga cttgaaagta maaatgagac aaaaatttat g

41

<210> 528

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 528

taaccctat actgtattgc rtcactttct aacaggcagc t

41

<210> 529

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 529

gtctgtgtgg ttgttggggt rttgcctgcc agtgttcaac t

41

<210> 530

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 530

gttgagaaac actgcctagt mccgtctgtg gtcctagaat t

41

<210> 531

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 531

ctatcacaga ataatccgca yagaacacta agcagattac g

41

<210> 532

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 532

tgtgcagaca cagaaagttt yacttaactt tctacaccta a

41

<210> 533

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 533

tcagtagcat gtgctgcact ygctgcagta gttcaatggg a

41

<210> 534

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 534

aacctcaacc tttagaaggc raaccttacg gtgtttataa a

41

<210> 535

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 535

tgaattgaat taattaatac rtgtatttga tgtatcaaac a

41

<210> 536

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 536

tggcatagcg taaagagact wggaaaaatg gaataaagcc a

41

<210> 537

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 537

aagtctaacc atatcaccaa yttagtatgc cattgtacta t

41

<210> 538

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 538

gctgctatatt atttcaagta rgccacaaaa tttccttatt t

41

<210> 539

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 539

catttttaga tgaagaccaa kgttgtgaaa gcaaataaat a

41

<210> 540

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 540

tctccacatt tggcttagcc yacaggatca tcatattatg a

41

<210> 541

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 541

tccctcatct cattgcccac rctcattgct ttaattcagt c

41

<210> 542

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 542

atttacattt tgtaaggcta yaattgtatc ttttaagaaa a

41

<210> 543

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 543

gatatagtaa atgcatctcc yagagtaata ttcacttaac a

41

<210> 544

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 544

aaacacttgt tatgagttaa sttggattac attttgaaat c

41

<210> 545

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 545

aatataaaca tagagctaga rrcatattat catacttattc a

41

<210> 546

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 546

tacatcaaaa gaaataaatc yaagaaggaa taaacacatt t

41

<210> 547

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 547

tcagcactct gtgtctagct waaggtttgt aaatgcacca a

41

<210> 548

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 548

gaacccatca attccgtaca mattttggtg actttgaaga g

41

<210> 549

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 549

aaatttaccc taaccagcct sactctctgc cactttctgt t

41

<210> 550

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 550

ttgtgtgcca cgtggggaag rctgaggacc gggagcagct g

41

<210> 551

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 551

tgtctcagtt cacaggatca ygactctttt tctcgaaact g

41

<210> 552

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 552

ggcttttgtgt gtgctccatt rtctgaactg ggcctgctgg g

41

<210> 553

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 553

tttgacttcc ttacatgggt ractgtgtga gtcactctgt t

41

<210> 554

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 554

gcattgggtc atgtgtatgt stgagtgggg ctgaatgtaa g 41

<210> 555

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 555

cagggatgaa ggagcagagc ygctgagagg ccacacaggt g 41

<210> 556

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 556

tttccctggg gttttccctt ygcattccat cctccctgag c 41

<210> 557

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 557

agcgacgtta tgaaattccc macattcac atttctataa t

41

<210> 558

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 558

ctccttagcc cccagaggg yccaacttt aagagcatac t

41

<210> 559

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 559

aggggtgcag gatggggtgt kagctggagg gcagggggta g

41

<210> 560

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 560

ccccccacat aagaggtggg sttgtccaag actccgaggg a

41

<210> 561

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 561

cgcccagctc caggaggcc wctgaagaca gaggtcagcc a

41

<210> 562

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 562

cagccggccg tgcgccgggc ygcgctcatg tgcgaggacg c

41

<210> 563

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 563

ccgtcgggtct gctcggtccc sctccctcgg ggctgggcag g

41

<210> 564

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 564

gctcctcagc atctgctcac rccagggacc cacacctctc t

41

<210> 565

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 565

aaggctccat cctgagacaa maagtccagt gtgacctgcc c

41

<210> 566

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 566

aggaggaaga cctgtatccc rgggacaccc tcctccactc c

41

<210> 567

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 567

cctccaggct gctaggcaga yggcctcctc taaagcccag c

41

<210> 568

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 568

tgaccagccc tgccaccga kgagccttgg gcagaaccct g 41

<210> 569

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 569

actaccatgg aggccccac racagagcgc tgccccttga c 41

<210> 570

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 570

aataataata ataataataa waaatgtatt ttaaagatgg c 41

<210> 571

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 571

cgtgccc aaa cctggtgatg ratcccttac tatttagaat a 41

<210> 572

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 572

ccatccatac ttgccacaa ragaaggaac atgagcttta t

41

<210> 573

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 573

gatttgaaat cctgtggaca yggggtgaat tacttttaaa a

41

<210> 574

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 574

attttctggt tgtaaattcc rgtatcaggg ctatagtta a

41

<210> 575

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 575

actattctcc ctcttcgact ygtgatgact ataataatct t

41

<210> 576

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 576

tacctattga agtaagccta ygtcatatcc acctatttgt t

41

<210> 577

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 577

ccactgattc ccagagctag ktcattaaga agacagtgcc t

41

<210> 578

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 578

cagattactg gagggctact rtttgctcac caatgcaaat g

41

<210> 579

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 579

gggatatttg tctcctttct scccagtgca tggtggaac c

41

<210> 580

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 580

atatatattc caattaaaa ncaaaataaa tttccgaaac t

41

<210> 581

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 581

caacaaagag attttttaaa rctttttaaa acaccagaca g

41

<210> 582

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 582

cagcactatt cgcaatagca ragatgtgga atcaatctaa a

41

<210> 583

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 583

agcagaaaaa ataaataatg ygtactaggc ttactacctg c

41

<210> 584

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 584

caaaacaaac ccccatgaca ygagtttatc tatataacaa a

41

<210> 585

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 585

ataagattaa tatctgcata maaatctttg tttacagctt g

41

<210> 586

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 586

tgtttacagc ttgttatata ytgaattatg tctgctcccc c

41

<210> 587

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 587

ttaatctgat aggattggtg scittataag aaaaagaaaa g

41

<210> 588

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 588

ttgctctctc cccagtcag ktaccaagga aaggccatgt g

41

<210> 589

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 589

tcaattggct ttatctgcga ytctggaatc aggcaatact c 41

<210> 590

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 590

gcgattctgg aatcaggcaa yactccattt cataaaacag a 41

<210> 591

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 591

cctcagcttg cacttggcct rctaattctt atataatcca a 41

<210> 592

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 592

agcctgcctg ctggcagtga sccatcatcc accattctca c 41

<210> 593

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 593

gacataagg tctctctatc wgcatttatg gtttgccttg t

41

<210> 594

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 594

gactgcgtga ccagggtgaa ytagcctcag catggaaggg t

41

<210> 595

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 595

gttggtgtag ttatactag rttatgaatg atagccttaa t

41

<210> 596

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 596

tgccaagttg cagggtgggg saggactcac aatagtgcac .c

41

<210> 597

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 597

atagagcctt acctgaagaa rrgtgtgcag tatgcatggt t

41

<210> 598

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 598

ctgttcaggg aggatcccgg rttccaacat ggttctttat t

41

<210> 599

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 599

gcctccgtct cacaccaaca rgcagatttc cccaccacgg c

41

<210> 600

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 600

gagggaagat tgtgcagccc yatcactgtg tcggggccca g

41

<210> 601

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 601

ttttcagggc ctgtccctcc ratgggggca ggcttctccc a

41

<210> 602

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 602

gtcttgggac agaggagttg rgggagttga aattaggccc t

41

<210> 603

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 603

gtcatttctg atgggggtcat yagggaaatg ggattgagcg c

41

<210> 604

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 604

tgtgtggtag aagcagcatt ytaagcacta cgtgaattaa c

41

<210> 605

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 605

gctttcatgc aggattgatc stagtgggat gtattaggaa g

41

<210> 606

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 606

ttttgggaac acctgtctag rtgttaagag ccagtggaat a

41

<210> 607

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 607

taaacttggt ttattgttta yatgttactc tgaacattga a

41

<210> 608

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 608

taaaattagt atctctctct rtaagttcat tatttaagat a

41

<210> 609

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 609

tagaaaaatg tgtatcacac ygtaagtgtt cagtaatgtt a

41

<210> 610

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 610

ctttatctag atattatagt mcctcatttt acttttaaac t

41

<210> 611

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 611

gtaaagagat taaacacaca ygcacacata catataccta t

41

<210> 612

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 612

agaaaacctg agaaatgaca yaattttattt aaagccatag t

41

<210> 613

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 613

gccagtaatt acatgtagcc rtttacctca aattagctaa t

41

<210> 614

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 614

taatgaaagt aaatgtttca rcttcctaa caaaagttga a

41

<210> 615

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 615

aaatgtcaga aattttttgt rccgtcagtc atcaacaaga a

41

<210> 616

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 616

aaggagcata cagaaaactt sccatgatgg ggcctttgtg g

41

<210> 617

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 617

tctaatagtc cccagtatta rtggtgcaca tcttcatgtc c

41

<210> 618

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 618

tcttttttca tctctgttaa yatcaaccat acagttaaac a 41

<210> 619

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 619

ttagtattgg aactaaactt ytctagtgtt gagaactttg g 41

<210> 620

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 620

aaattctaac taattaaagg kttcatcctt tagtaactag a 41

<210> 621

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 621

tataaagttg tggttaatga rtatatatga ataagaatat t 41

<210> 622

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 622

agaaggaaaa aggccatttt sttaagaatc cctgagatat g

41

<210> 623

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 623

atagaaggag aggctatact rcctccttaa gtctcaggac c

41

<210> 624

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 624

actaaggata aaaatatggc rtactcagtc acattggaac t

41

<210> 625

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 625

aggccttaat gacatatttc ycctcacata aagatacaac a

41

<210> 626

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 626

taatgacata tttcccctca mataaagata caacatgctt t

41

<210> 627

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 627

tatggtaact gaagaaaatg rcattaagtt cctaaagtta t

41

<210> 628

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 628

attctgtaa gaagttctta yattaagaaa tattgtctcc t

41

<210> 629

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 629

gagaatatag gagcttctgc rtatgcctga aagtcagtca g

41

<210> 630

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 630

attactcatt taatgaataa rtggattact gagcactgtc t

41

<210> 631

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 631

actgctgtcc aggggtccat ytggggctga gcccagctgg a

41

<210> 632

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 632

ctgtcctctt gttcgggagg ygtggcagct tttcccttac t

41

<210> 633

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 633

aactatgaac tagctgtggc yctctcccg c tgggtgttca a

41

<210> 634

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 634

tcctgccc aa gaatgctgcc naaaaacggc cccaggcctc a

41

<210> 635

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 635

tctggaccct gaacaggagg sgacatcgtg acaaagcaaa t

41 .

<210> 636

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 636

atcagcaggc gatggttact stgggcgggt aaatcaggtg a 41

<210> 637

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 637

gtaaagggaaggcggttcc wcaactgaga agtgaagatt c 41

<210> 638

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 638

attatttgct ctacctcagg rtttttcggg tcaagcgaga t 41

<210> 639

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 639

ctcatcaggt gtgtgtcaga kggcttggtg ctggccagtc t

41

<210> 640

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 640

attgtaatag attaacaag kttatgaaag tagtgtacat a

41

<210> 641

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 641

tgtaatagat taacaaagtt katgaaagta gtgtacataa t

41

<210> 642

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 642

gtgtacataa tgtacatagt rtagttgaac acatagcaag c

41

<210> 643

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 643

gatggctata tgaccaataa wgatacatat aaatgtatag a

41

<210> 644

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 644

agaaagattg cagctgatag rtgtcaggct aataaggaca c

41

<210> 645

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 645

aatggcagag gactggaaat ktacatttta agctttaccc t

41

<210> 646

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 646

gccttcctct tcagcacatt yccaattata cttccaattc c

41

<210> 647

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 647

atttcaattt ttttttttgg rgggggagac agagtctcac t

41

<210> 648

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 648

aattacctcc caaaggcctc wtatcccaga tactatcaca t

41

<210> 649

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 649

ttctcaaatt tcattataca statctttca acccaaagtt t

41

<210> 650

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 650

tttaactata gatgccttct kctcctcttg tgtttgattt a 41

<210> 651

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 651

tcactgcagc ctcaacctct ygggctcagg tgatcctcca a 41

<210> 652

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 652

aaaaaaattt gtagatatgg ktactcccta tgttgcccag g 41

<210> 653

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 653

ctccctatgt tgcccaggct ratcttgaat tcttgggctc a 41

<210> 654

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 654

gtcagacaat ggccttcagc rtcctctctt tgcagaatat g 41

<210> 655

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 655

ttttggagac acttttcaga sagagcgttt ccagcatctt c 41

<210> 656

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 656

tccctttcca tttttaagtt ngactttttt ttttcacctc t 41

<210> 657

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 657

atacacatat ggaacaatta mctaaaaact taaggtaata t

41

<210> 658

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents c or deletion

<400> 658

gggtttatag tgttcccccc ntccccgccc ccaaaagacc c

41

<210> 659

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 659

ccattctatt tgtcaactgc rtaacacagg cgtagaagtg g

41

<210> 660

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 660

aaatgtctgt ccttttggca ygttgtgaag gagaacacta a

41

<210> 661

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 661

attggagggtg acgatatctc ygtgatgctg ggggagaaat c

41

<210> 662

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 662

attgctatag aagagagtaa ygtaaagcag aaatagtttt c

41

<210> 663

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 663

tttgaaatta gtgtctttaa yagttatctt ttccacaga g

41

<210> 664

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 664

aagaattctg tacttccaat ktataatgaa tactttctta g

41

<210> 665

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 665

tctgtgtgca tgaacatgca ygcgtgcacg cgcacacaca c

41

<210> 666

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 666

tatgtggagc aatttgaaaa wagtatattc taagccatta a

41

<210> 667

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 667

ggatcactgc taaagatccc rgagtcactc catgtcccag t

41

<210> 668

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 668

ggagaagggg accgcatgca ragggtggca ggcagggagg g

41

<210> 669

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 669

gggtaaacc attttgaata ytagcattgc caatatcctg t

41

<210> 670

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 670

aaagaaaatc atacaactca rcatccagtt ggcttttta g

41

<210> 671

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 671

tcagcttcct cctttgccaa nccaagagat gagctggcct g

41

<210> 672

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents g or deletion

<400> 672

tgacctctcc ctgttagtgt nggggcagct ctttccagt g t

41

<210> 673

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents c or deletion

<400> 673

gcccttaaag ggaagttcat ncttctctgc cttccaggct c

41

<210> 674

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents (cctgy)_x

<400> 674

tccgcgagga tacagcggcc ncagacaata tgtagccgt g

41

<210> 675

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 675

acaattgaca aggcaagatt ytgaaaacaa atcaaaaata a

41

<210> 676

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents gaa or deletion

<400> 676

actgcataga aatttaagaa ncttgtttta ttcctctcca g

41

<210> 677

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents ag or deletion

<400> 677

gttaatgctt tcccactctc ngggaaggat ttgcattttg a

41

<210> 678

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 678

taactgctgt aaagttacac rgggaagccc ttcccgaca a

41

<210> 679

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 679

aactgctgta aagttacac rggaagccct ttcccgacaa a

41

<210> 680

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 680

ttcagatccc tgtaagccag rtattatttt taccattttt a

41

<210> 681

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 681

tacgaagtgg ctaatttaca yagtacttag ccagatgacc g

41

<210> 682

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 682

gatgaccgaa ggactcagta yccgagggcc cctaacagaa a

41

<210> 683

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 683

gaccgaagga ctcagtaccc ragggcccct aacagaaaac a

41

<210> 684

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 684

ccgaaggact cagtaccga rggcccctaa cagaaaacac a

41

<210> 685

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 685

tagaggggag actaagccct sggagtagct ttcggatcag a

41

<210> 686

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 686

taagccctgg gagtagcttt sggatcagag gaagtcctgc t

41

<210> 687

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 687

aattaaattc ccaggttggg rccaccactt tttagtctga c

41

<210> 688

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 688

gcggagagaa ggctgaggga yaccgcgggc agggaggaga a

41

<210> 689

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 689

cggagagaag gctgagggaac wccgcgggca gggaggagaa g

41

<210> 690

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 690

gagaaggctg agggacaccg ygggcaggga ggagaaggga g

41

<210> 691

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 691

agggagaaga gctttgctcc rttaggatct ggctggtgtc t

41

<210> 692

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 692

tgctggagct gcaggctgtc ycttcctga gccccggtga g

41

<210> 693

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 693

agtgagtgcc cggctctctc yctgctcttg cttatgggaa g

41

<210> 694

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 694

tgtgggtggc tgcaatgtgt rgggggaagg tggcctcctc c

41

<210> 695

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 695

actatcagca gttattctca ygactccaat gtcatgtcaa c

41

<210> 696

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 696

ctgccacccc attagaagga rctttctact ttccctgagc t

41

<210> 697

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 697

gctggctctgg atccagaggc wgccaggtgc ttgggcgctc c

41

<210> 698

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 698

caccgtatat ttgagcccaa stgcttggac gccttcccaa a

41

<210> 699

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 699

tttgagccca agtgcttgga ygccttccca aatctgaagg a

41

<210> 700

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 700

cagcacccgtg tagaatcttc rtaagtgtta gctgttactg t

41

<210> 701

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 701

atttgctcct ggccatctac ycagactgtc tgtctgtctg t

41

<210> 702

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 702

ggaacatccg cggggtgagc saggggtccgc tgggcggtgg g

41

<210> 703

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 703

gggacggggg tgcgtggggg yggggaagtg tggagcagct g 41

<210> 704

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 704

gactgcatct cctctcccca sccttagaggt gttaagatca g 41

<210> 705

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 705

agcaggccct ggtctcctct ytgcccttgc atatgggaag g 41

<210> 706

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 706

ttgattcctt ctggtgagtt mttggtcttg ctgactctaa g

41

<210> 707

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 707

tcctcttggg gggttcatgg yctggctggc ttcaggagtg a

41

<210> 708

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 708

acctttagct agacacagag ygctgatttg tgcatttaca a

41

<210> 709

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 709

ttgtgcattt acaatccttt rgctaggcag aaaagttctc c

41

<210> 710

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 710

ctcagccccg agctgtcccc rtgttgcatg aaggagcagc a

41

<210> 711

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 711

ttctgctggg catagtaagg ygcttgagaa ttcttgctcc c

41

<210> 712

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 712

ccaacgccgg cattagtcgc kcctgcgcac ggccctgtgg a

41

<210> 713

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 713

agcctaactt ctataccttg raggcactgt ctacaaaaa a

41

<210> 714

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 714

ctgttggact ggggtggggtc kttataagat tgggtatatt t

41

<210> 715

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 715

cccagtgggg caacaagcct rtatgctgag caggaggcag a

41

<210> 716

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 716

ttagctggat tggggtgcta ygctcagagt gagtctgtgt t

41

<210> 717

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 717

gatgctttcc cagtcttgga kctgcataaa gaataacttg c 41

<210> 718

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 718

gctttcccag tcctggatct rcataaagaa taacttgcatt 41

<210> 719

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 719

agcagggccc accagccgac mgcctcgaag cgccgtgagc c 41

<210> 720

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 720

tgtctgacca gccgccccgc yaaggagtca caagagggca g 41

<210> 721

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 721

aaaatactgc atcaaaacca rgccacgctc tggtgggggg a

41

<210> 722

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 722

ctgcatcaaa accaggccac rctctgttgg ggggacacca a

41

<210> 723

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 723

tctccaaca ctgctctcca ragccccttg gcaaccatgt t

41

<210> 724

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 724

caccactggt taaggccctg sgggggcaga gttaaacaca a

41

<210> 725

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 725

ccttgaaagg catcgactac ragacggtgc ccatcaatct c

41

<210> 726

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 726

agaaggagga gtttgctggc yctgtcccct ctggtccagg g

41

<210> 727

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 727

tatctgaacc agcctcccag rctgctttgg gcctgacagt t

41

<210> 728

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 728

ctcccccgagg ctccagcaaa sttttctttg ttcgctgcag t

41

<210> 729

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 729

ccccgggcct ctttctgtt ycccgctct cccgccatgc c

41

<210> 730

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 730

gtgtgtgcgc gtgcgtgtgc rtgtgtgtgc gtgtgtgtgt g

41

<210> 731

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 731

cccgtggct gaggccctag yccccctgcc ctgcagatct c

41

<210> 732

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 732

taaagagtgt cccaggcgtc ygtgccgcc aatggggcac a 41

<210> 733

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 733

tgctgccgct gccgtggggc rgggcgtggg cggtgctggc t 41

<210> 734

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 734

agtgtctgtg agagaagcag rttctggagg gtggagtgtg g 41

<210> 735

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 735

ggggttatac agagcccctc sgccccacc acacatatgc a

41

<210> 736

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 736

gtatggcagg agtggggtcc yggcaagcca tagaggtagt g

41

<210> 737

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 737

cgccacctgt gaccagcagc kgatgcctcc ttggccacca g

41

<210> 738

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 738

ggtcagcatt caaagtcaag wagcgccatt tatcttcccg t

41

<210> 739

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 739

ggtcacccat gccgcctgct mcccctccttc ccaggggcaa g

41

<210> 740

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 740

tcccaggggc aagcagagac ygagaacatt ccagagatta g

41

<210> 741

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 741

ttacaagtgt tccaaaggaa wcgtgcctgc ttctaaacct g

41

<210> 742

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 742

cctcgtgatt tgcccacctc rgcctcccaa agtgctggga t

41

<210> 743

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 743

aggccgaggt gggcggatca ygaggtcagg agatcgagac c

41

<210> 744

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 744

tgtttattcc ttgcatagcc rtaatataaa gtatgaattt t

41

<210> 745

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 745

actgtgttct aatgatgact rtgatgctta aacgattaag g

41

<210> 746

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 746

atcagagtgc tatgttcag rtatatgaac ttiggcttca t 41

<210> 747

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 747

acaaaaaggc cctaacagcg mtaaattccat tcacttcggg a 41

<210> 748

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 748

cgcctaaaac cgctacggtg rctctgctgg ggacaaatta t 41

<210> 749

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 749

ctggggggagt agatatatgt wtttgagaat gagaggagta a 41

<210> 750

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 750

agcctttgcg caggcactcc yatatttcag cctatgcgag c

41

<210> 751

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 751

agaaaaatgcc ccttctttat stgggggtggc agcacggagc c

41

<210> 752

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 752

cgagtttaca agctacataa yagcgtcggg ggcaagtaag t

41

<210> 753

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 753

aataaaattc ctgagtttct stcactcgct cttacagtac c

41

<210> 754

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 754

tgtaattagg caacaggaaa rttgtactat ctttcaaag c

41

<210> 755

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 755

tcttccatcc tcctaacata yagttagctt ccactctcca a

41

<210> 756

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 756

tgaatatgca atgcaattgt sgggggatag ttacttttca t

41

<210> 757

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 757

cagcatgacc catctaaacc satgttgact ctcccaggcc t

41

<210> 758

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 758

cttgcctttt tgttgtgggg kgtggggtgg tcacagagaa g

41

<210> 759

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 759

gtgcagagaa gaaaacaaag yggggaaggt ggaaagggga t

41

<210> 760

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 760

tcacagatat ttatttttcc ygactgaaac taacttaatt c

41

<210> 761

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 761

acttaattct acctaatttg sgtggggagt agttggccaa a

41

<210> 762

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 762

ggagtagttg gccaaatcat saaattgtta actttttgct a

41

<210> 763

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 763

aacatattgt gtaatcaacc ytaggtgtta aaaaaggttt g

41

<210> 764

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 764

atcccagcac tttgggaggc saaggcaggc agattgcttg a

41

<210> 765

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 765

aaaaaataca aaaattagcc rgatgtggtg gtgcacacct g

41

<210> 766

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 766

tggtggtgca cacctgtagt yccagctact tgggaggctg a

41

<210> 767

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 767

tcttatgcta ctatattttt yttcttggga attigagaaa a

41

<210> 768

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 768

atgacttacc tttatttcca kttacatttt ttttctaaat a 41

<210> 769

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 769

agtctgattg tggatgatgta kgtatagtca tgccacagtg a 41

<210> 770

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 770

ttgcaaaaag agcaaaatct mggtgaaatg tattgtgtaa a 41

<210> 771

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 771

gagacacagg ctttcctaag mtatgacaac accataacta g

41

<210> 772

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 772

aaaggcacccc actggaggtg mattatitttg ccatcacctg a

41

<210> 773

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 773

gaagagtgtt gtcatgaagg yggagtcact gcccaggga g

41

<210> 774

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 774

ttatcccata tgtgcccaaca rtgagccggt ctgagcagag c

41

<210> 775

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 775

ctttcttatg catttgcaaa mcaatgattc tgtctgctgt g 41

<210> 776

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 776

gcattgggtgg aaggtgggct yggatcgtcc ccgggcctgg c 41

<210> 777

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 777

ggaaatcact tcttattcaa yagttccata aaagctggcc g 41

<210> 778

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 778

acaccacatt tactttatgt sttacatagt tagtgagatc a 41

<210> 779

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 779

cacacttggtg cacatgcaga yacccatggg catccaagag t

41

<210> 780

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 780

cagatgtgat ttactccaa rccatttttag ctctagaaga g

41

<210> 781

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 781

tgagctctga gagcaaata ragatgttag caccctaaac a

41

<210> 782

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 782

taaacatcac cccaaaggat wcctaccatt ctccttctga g

41

<210> 783

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 783

tcttcgtagt atctaatacc ytttttggtta gccttaaagt t

41

<210> 784

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 784

taataacaac cgaatgtcta rtaaatagact ctcctctgag c

41

<210> 785

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 785

gttgtcgaac agctgtctca ngctgacatc ctccttgata a

41

<210> 786

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 786

gttgtcgaac agctgtctca gctgacatcc tccctgataa

40

<210> 787

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 787

agggctaaaa atcctgatta wacctacctt gaagctttta a

41

<210> 788

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 788

aataaaagta catggcatat mtttgatggg aacagacttg t

41

<210> 789

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 789

aactccatgt gtataaagca rcaccacaga tgacacttcc a

41

<210> 790

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 790

ggattgtgcc atcccttgat bggcaatgac cttttacttt t 41

<210> 791

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 791

ggattgtgcc atcccttgat bggcaatgac cttttacttt t 41

<210> 792

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 792

aacatacaaa aattagccgg rtatggtggc gggcacctgt a 41

<210> 793

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 793

catacaaaaa ttagccggat rtggtggcgg gcacctgtaa t

41

<210> 794

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 794

ttccctgaaa caaccattg yggccatcca gaatcagcca a

41

<210> 795

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 795

cacagcctca tgggtcagcc yactccagag ggtgcattcc c

41

<210> 796

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 796

ggaagcaggg gccctggcca yagccgctgg cagtaagcag g

41

<210> 797

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 797

tatagtctac aaagaatgaa naaagatcat aacaatagct a

41

<210> 798

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 798

tatagtctac aaagaatgaa aaagatcata acaatagcta

40

<210> 799

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 799

tcctgtgtgc cctcccctgc racttttata ttccctttgc c

41

<210> 800

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 800

agggcccccag cctggagtgg stgaagaaac tgtgagcacc t

41

<210> 801

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 801

tccttacctg cactggcacc rgctctggag cccagtcac t

41

<210> 802

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 802

agactctagc atggtacctg saacataagg ttccttagaa a

41

<210> 803

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 803

ggcatattgc tagttttctc kgtctcaatt tcacatcta t

41

<210> 804

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 804

acaaattttg aactgttcac ytaacacagg ctttttctga a

41

<210> 805

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 805

aggatatctaa aaggtattgc matttggtca ttggttcttt c

41

<210> 806

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 806

aagtcagttt tgttgtcttg ntgtaacatt taaccaaaaa a

41

<210> 807

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 807

aagtcagttt tgttgtcttg tgtaacattt aaccaaaaaa

40

<210> 808

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents ag or deletion

<400> 808

attaagtagc agttaataaa ntctagactg ctgattcata c

41

<210> 809

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents ta or deletion

<400> 809

tataggaatt ttaaaatata nggatattga aacattcagt t

41

<210> 810

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 810

tttataat ttt atatatgtta ygtgctttct tttgtatagc t 41

<210> 811

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 811

actaccaagg agcgcggcgg rcagccggat agcaggacgc t 41

<210> 812

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 812

ggggagcggc gtccgccaag ytactttctac cgccagcacc t 41

<210> 813

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 813

attcagcagt ttgaaaacat ratgtttgcc tggcagaata c 41

<210> 814

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 814

agttaaagaa tctgaaaagt stcagaaatg atttaccctg a

41

<210> 815

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 815

ctgtaaaatg gggatgctga nggtacctac ctgacctatg a

41

<210> 816

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 816

ctgtaaaatg gggatgctga ggtacctacc tgacctatga

40

<210> 817

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 817

accaaccaa ggtctatcaa rggggtgtcc tctttgcacc c

41

<210> 818

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 818

aaaggaacc atcagaaccc ygtgatgaaa tgagaatcgg c

41

<210> 819

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 819

gctcccggat tccggctggc rggggttagg gcagggtaga g

41

<210> 820

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 820

agaggagtca cgtgcttcgg rgagagcctt tataggacgt t

41

<210> 821

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 821

tcacctccct cctaagccgg racccttcgc tctccccgaa t 41

<210> 822

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 822

ctccctggga acccccagct mgtcaccct tcagcccgga a 41

<210> 823

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 823

cctgggaacc ccagctagt saccccttca gcccgggacc c 41

<210> 824

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 824

tcctttagac ccctgaaacg sagggctgac atcctgccac c 41

<210> 825

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 825

gccgccggga atctgtgcc scctccatca tcatgtcgtc g

41

<210> 826

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 826

gcctccaccc ctggggcgcc kcctccatca cccaccctc c

41

<210> 827

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 827

gggccttgtg tacgctggag rccaaaagtg ggaagggagg a

41

<210> 828

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 828

agggtccagg gtcccctgct naacactggc cgaagagaaa g

41

<210> 829

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 829

agggtccagg gtcccctgct aacactggcc gaagagaaag

40

<210> 830

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents ca or deletion

<400> 830

tgatagagcc ctgatccacc nctctctgaa acttctttgc t

41

<210> 831

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents ag or deletion

<400> 831

cattttgtga ctgaggtgac ngggcccaca gcggggccat g

41

<210> 832

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 832

tttgtgttct ctattctgac ycgcatgagg taaagctgag a

41

<210> 833

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 833

caaacctaga caaagtgtgc yctttatcca gaagtgagca g

41

<210> 834

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 834

ttcaggagat aaaaagctct rattgctcag gcctgagatg g

41

<210> 835

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 835

gaagttgtct tgtaagtga rtaagaatat gtactcacat a

41

<210> 836

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 836

tcattgtttt gcaaagagat kcccctaacc cagctttctt t

41

<210> 837

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 837

gaggagacac caggaggcgc rttgatgggtt acagattcct c

41

<210> 838

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 838

tttatttctg gaccaagtaa rgatgggtcc gtggcccaca c

41

<210> 839

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 839

gtcatacaag gggagcctcc rggatagaag tgcagaaact t

41

<210> 840

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 840

attctttttt cactactagg ytgtttcctc cacatctgac t

41

<210> 841

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 841

aaagaaaaag cactgtgtga wctgcatgg ccgcttctgc a

41

<210> 842

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 842

gattctctaa tgaaaaataa kacttttttt tgcatttttt t

41

<210> 843

<211> 43

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 843

ggtcattgtg catgatactt aanaaaaaac taagctgtgt aat

43

<210> 844

<211> 42

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 844

ggtcattgtg catgatactt aaaaaaaact aagctgtgta at

42

<210> 845

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 845

ctcattttgg aaagactctc naccttgctg taccaaaaat g 41

<210> 846

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 846

ctcattttgg aaagactctc accttgctgt accaaaaatg 40

<210> 847

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 847

cagcaccctg tagaggcctc rggatgctga agatgccatg a 41

<210> 848

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 848

gacacaggca ttctgcagac rctagacaat tttagtggca g 41

<210> 849

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 849

gatggctctt tgtagaaca kgcagattct caaaggtgac c

41

<210> 850

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 850

accacagtta aagaaaaaat yacaagccat tgcgctagag a

41

<210> 851

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 851

cacaccctat ttggtttct sttctccact tttcccctcg t

41

<210> 852

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 852

ttccccctcgt tcttgatcccc yctttttctct ctcctgggcc c

41

<210> 853

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 853

attcatatga gcacaatgga ratgataata ttacaatacc a

41

<210> 854

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 854

ggcttgatgt tcagcctgag rcaagaatta ggagtgttta g

41

<210> 855

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 855

aatgtatcca aaagagattc kcattcctgc catatgaaga a

41

<210> 856

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 856

gacaaatata aattactaag rtcattttta ggagtgatag g

41

<210> 857

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 857

aatttcttcc cagaatggac yaaaggcatc ctctgttccc a

41

<210> 858

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 858

atctctggta atattcatac rgattatttg taatcccttt a

41

<210> 859

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 859

attcctagtt ctttgtccct yaagtttggt ggtcaccttg t

41

<210> 860

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 860

agaaaaatagt catgaatggc yccaactaac actagtcttt a

41

<210> 861

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 861

gtcatttgat tacctgagta magtgtactg ttacctgttt g

41

<210> 862

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 862

attttataaa ttctttgatg mcttgggggt cttattcaac t

41

<210> 863

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 863

attgtgtaga gtaatgacag yagagctgtc aactttttta a

41

<210> 864

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 864

gcagagctgt caactttttt waaaaataa ttttagctta a

41

<210> 865

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 865

ttttttaaaa aaataatttt rgcttaaaaa aattaaaaat t

41

<210> 866

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 866

atcattgctg tttaaaagtt yaagtagtgt gaatttcagt a

41

<210> 867

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 867

aaccaatcct tttatTTTTt wtcttccaga aactttgatt t

41

<210> 868

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 868

gggtgtgtgt gatgttttga ygttttgatt gattgccttc t

41

<210> 869

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 869

ctttctcacc ccttgactg yagtggTTTT gtgccactct t

41

<210> 870

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 870

gccagggaag atgcctattc mcacagtgc t atgctcctt t

41

<210> 871

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 871

gatttttctc cttcttcaat rtaagcttcc cttaaaataa a

41

<210> 872

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 872

tctaaactca aaacaggttt rtttggttat tgtttaggct g

41

<210> 873

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 873

tatagttttg ccttttccag satattacat atatggttag a

41

<210> 874

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 874

ctttcatttc ttttcatagc ytgatagctc atttctttat a

41

<210> 875

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 875

ggattatgcg tacttggaaa rtacttggat agcgggtgatt a

41

<210> 876

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 876

acattaattt tgatggagta kcacaatgcc tccagaggct g

41

<210> 877

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 877

gcatgcaatc agttatatag yctagataag aattacaatt c

41

<210> 878

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 878

tcctcttgaa attgtagata kgtatctaca catttctcat c

41

<210> 879

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 879

gaaaagatag atgtataaat raccaaaaat tcgtgaagaa a

41

<210> 880

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 880

ctacaaatat attctaaatg ygtaatcatg gataagtaca a

41

<210> 881

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 881

tgtttttcaa gcctttaaac rgctgtggaa ccctgtgctc a

41

<210> 882

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 882

ccagctactt gggaggctga rgtgggagga tcacttgagc c

41

<210> 883

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 883

acagcgggtct gtcttcctgc rgttctcata ggctagctta c

41

<210> 884

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 884

tacactaaag tgtctcttac rtttatactt gagaaagtgt t

41

<210> 885

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 885

tgcagacttt caggtgggta sgatgaggga ttgctgctgc t 41

<210> 886

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 886

aaaactgagt cagaacgcc rtgctcagaa aacaggggcg t 41

<210> 887

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 887

gtgccagcac ttaggaatta kgaccttcta atgaagttct t 41

<210> 888

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 888

taaacagtag gggcaagata ngagtggaaa cagccaagat t 41

<210> 889

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 889

taaacagtag gggcaagata gagtggaac agccaagatt

40

<210> 890

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 890

tggtttctct tctccacttt nccctcggtt ctgtccccc c

41

<210> 891

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 891

tcctaggggg tcgtcgtggt scagacagtt tagcagaaca g

41

<210> 892

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 892

gtgtagcaa tggctcacgc ytctgtttgt tgccttggt t 41

<210> 893

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 893

tttgtgtcc ttgtttgttt kgtccattga ccacgttgga c 41

<210> 894

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 894

acgttgga gcattttttt rttcctttaa ctaacggga a 41

<210> 895

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 895

ttttgaaaag ttagcccagg rttgcattgc aaataacaaa a

41

<210> 896

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 896

tatctcagaa tatctcagga rcatttagta gacagctatg c

41

<210> 897

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 897

aagccctaaa atagatagtg kcaatgggaa tgaaaacaag a

41

<210> 898

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 898

ttttgaaacg aggtctcact rtgttggtcca ggctgggctt g

41

<210> 899

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 899

gagtgcggtg gcgcgatctc ratctcgggt cactgcagcc t

41

<210> 900

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 900

ggaggccaag gcaggcagat ygcctaagt caggagtttg a

41

<210> 901

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 901

ggccaacatg gcgaaacccc rtctctacta aaaatacaaa a

41

<210> 902

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 902

ctgtatgtct taattttaaa ktaaatttgc attttatata t

41

<210> 903

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 903

gcaccactgt ttaatgctag rattcgaaag aggttggtaa t

41

<210> 904

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 904

attactttta gaaaacgtgt yttagctgat actcaggcat a

41

<210> 905

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 905

aaaaattggtt atattagtta yaccttggtt caaaaattgc a

41

<210> 906

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 906

gataaagtct cactatgttg yccaggttga tctcaaactc c

41

<210> 907

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 907

ctgaaaatac aaaaattagc ygggtgttgt ggcattgtgc t

41

<210> 908

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 908

ttacagtgag ccgagatcac kccactgcgc tccagcctgg g

41

<210> 909

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 909

acacatttaa ttttttacat ygaaaatact gcagttatgg t

41

<210> 910

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 910

agaaaacatg tattcagaaa yaggaattca aggttacagt g 41

<210> 911

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 911

cactgtgtag caatttatgg ygaattttcc aaagtggcaa a 41

<210> 912

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 912

tctaggataa ttataattaa waataatcat agtaacaatg g 41

<210> 913

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 913

aaatgtattg tctgtgcttt naacattttg taatagtaaa t

41

<210> 914

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 914

tctgccacaa ggagctagga ycacgctcac ctcacgattt c

41

<210> 915

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 915

cggggtcagg cgcagcggcg ygcccagtg c agagagctcc t

41

<210> 916

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 916

aaagctgtgt caaatgtact rcttttagatc tggactgtga a

41

<210> 917

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 917

ggtgggtgag cagtcagttc rgagctcctg atgtgggagt g

41

<210> 918

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 918

aactgaatac agccctgtcc wgagggcttg caaagtgaat c

41

<210> 919

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 919

gaaaaaaaaat cttaatgcca kggaagacgt tttttaata c

41

<210> 920

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 920

attaatggga aaatctacat staaaattca ttttattgta a

41

<210> 921

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 921

ttcatttta ctaattttat ktctccatt ttgtgaatgg g

41

<210> 922

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 922

ataaaattat gatattatta rtactaatat agccagccat a

41

<210> 923

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 923

aatatatata attataggaa yctcagagta gcaaccatgg t

41

<210> 924

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 924

cacaatatag gcacaaactt mctaccaaag cactaacaag t 41

<210> 925

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 925

tttactatat agatatatgg watagactat agagtatctc t 41

<210> 926

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 926

accaaataag gtattatgca rgctcatctt tttatataag a 41

<210> 927

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 927

ggaaagactt gctttgccag ygtatccgaa acctctgtta t

41

<210> 928

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 928

tcgcacagct gagaagagca rggggctggt tttcagtacc c

41

<210> 929

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 929

agaaaagatg agtataattc rtctaactta cccattctta a

41

<210> 930

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 930

ctactctgtg aaagtaagggt watgttgaac aagtaaatta a

41

<210> 931

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 931

actttctttg gagatggagt wccagcagtt gggaatgtaa t

41

<210> 932

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 932

tgtgatgatt tttttttttt nggctgtatt aaccttccat t

41

<210> 933

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 933

tttctttctc tttttttttt ngagatacat tctcactctg a

41

<210> 934

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 934

ccaaacatag ccagcacttc yggctgtaac tccgggctgt t

41

<210> 935

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 935

agtgagccga gattgcacca rtgcattcca gcctgggcaa c

41

<210> 936

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 936

gttttcaaca aaggactcca kagtagtaga gaagtttctg t

41

<210> 937

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 937

attttcatca cacctcaact kaaggtataa cagccttaag a

41

<210> 938

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 938

ttcatcacac ctcaacttaa rgtataacag ccttaagaat g

41

<210> 939

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 939

aacaatgtgg tatagtgggg sgggtggtga gcaggtgtca t

41

<210> 940

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 940

cctgatgctc ctggctccag rgtagacctt ttccctttag a

41

<210> 941

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 941

tcaccacgtg tctgtagata yaggaccgca gaccttcgct t

41

<210> 942

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 942

aaatccttgg cttctagaat kggtcactga tggtatataa t

41

<210> 943

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 943

aacctctgcc tccccgattc rcgccattct cctgcctcag c

41

<210> 944

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 944

agtagagacg gggtttcacc rtgttagcca gcatggtctc g

41

<210> 945

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 945

aggcgtgagc cactgcgccc rgcctagacc ttcttcttat a

41

<210> 946

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 946

cccaacagct cccaatgtaa racagatcta ttaatattct g

41

<210> 947

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 947

gcaacagatc ttgacctata ycccataggg tacagctgag g

41

<210> 948

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 948

atcccatagg gtacagctga sgactttaat cagaaaagga g

41

<210> 949

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 949

tagccttgct ttactctac ygttcctccc aaatcacacc c

41

<210> 950

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 950

acaaactctt aatgcgaatt ytcagatca aagtgggctt a

41

<210> 951

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 951

tttaatctcc tttaaatttc rcaatttcac aacctagggt a

41

<210> 952

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 952

tttttttttt ttttgagac raagtctcac tcttgctccc t

41

<210> 953

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 953

ctgtagcctc tgcctcccag rttcaggcga ttcgcgtacc t

41

<210> 954

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 954

cagattcaag tggttctcct scctcagcct cccaagtagc t

41

<210> 955

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents at or deletion

<400> 955

attataaaca ctaaacaaac ngtgtggtct ctttagaggg g

41

<210> 956

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 956

aggaacaagt gactaccctg naaaaagaag agatgaaaca a

41

<210> 957

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents c or deletion

<400> 957

accagacaga gttcccttta nttgttttcc tgtggcaaag a

41

<210> 958

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 958

ggccgctggg tacaggatgc mccttcctcc agccgcacct c

41

<210> 959

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 959

ggatcatggt ggtggagagg rgcttgtgtc tgggtgggttt g

41

<210> 960

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 960

cagttgtcga gtaagtgggtg yatagggtaa gtgctctttc t

41

<210> 961

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 961

caaaggagct catggcattg ygaatgggac atttcttccg t

41

<210> 962

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 962

tggagaaggg gaggtttctc ytagtgtgga tgcggtatgg t

41

<210> 963

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 963

gaccgtgggtg acggaggttt yctgggcatc gatgggtggt t

41

<210> 964

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 964

tagcttaa at aattattggc rttcatgttc agaatgcctg a

41

<210> 965

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 965

tttaaacttt tat ttttaa at rtccatgaat ggggtcggta t

41

<210> 966

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 966

aaagatttaa acctacatat ytttatgccc aatcatttga t

41

<210> 967

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 967

gcgagggact cattttacag wggttggaca cttcactgtg t

41

<210> 968

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 968

ttcactgccg gagcttggcc rtgtgaaccc ggagccgggc t 41

<210> 969

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 969

ggtcagggtc acccttgagc ygcgcacact aaatgacggg a 41

<210> 970

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 970

gagggcatcc cgcgtcagtc rccagtgtcg aggcgtcagc a 41

<210> 971

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 971

cttccactct ggggcgggga ygctgtagaa ggagcacaaa g

41

<210> 972

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 972

gtaactgttc agtgctttct yctttggatt tcatgtaaatt c

41

<210> 973

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 973

gggacagaac gatgtggtgg rgagaagagg gcgtggcaga g

41

<210> 974

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 974

cgaaaacccc ctttcaactg ygaagtgggtg ggcggcatgt t

41

<210> 975

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 975

ctagagtggg actgggcacc yggcatgtcc cctcctgggc t

41

<210> 976

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 976

gcttcagaga gccaaaggtgg stcttgaggt gcatagtga g

41

<210> 977

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 977

agtgtagcct ccgcctcccg mttgactggc ctgcttggca a

41

<210> 978

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 978

aggtgcagcg gggagccggc ytcagggcg catgcgccg c

41

<210> 979

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 979

tctctgagcc tgtttccact yttaaaatga ttatggatg g

41

<210> 980

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 980

aggcaaggca ggccgggcac rgtggctcac gcttgtaatc c

41

<210> 981

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 981

ggccctgagc tggcctgcgt mcagccacat cctctttcct g

41

<210> 982

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 982

ttcacttcat ttgcagtgag raaaccagct ccgagaggtg a

41

<210> 983

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 983

ttttcccaga cgtaaccgcc rtcagagcgt ggcatggagc c

41

<210> 984

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 984

cgctgggttc tttcccttac ygtggtctcc caggcactta c

41

<210> 985

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 985

tgtcagaaca ggcctatggc rccaaccac aagtccecca a

41

<210> 986

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 986

cagccccaca ggcctgtgct mgctgtgtgg ggcttaggga t

41

<210> 987

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 987

cagagacctt gacccccccc natctaccat catttccaaa a

41

<210> 988

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 988

cagagacctt gacccccccc atctaccatc atttccaaaa

40

<210> 989

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 989

ttaaaagttg acttttttct rccgggcacg gtggctcacg c

41

<210> 990

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 990

aaagttgact tttttctgcc rggcacgggtg gctcacgcct g

41

<210> 991

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 991

ggcggatgaa actctcctac maagaagggc caaacggcc g

41

<210> 992

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 992

ggggatgttg attacctagg ycagtaaagt aaagaaggca t

41

<210> 993

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 993

cttctgggcc actgtatcct rtttctttcc cttgttaccc t

41

<210> 994

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 994

ccctcttaga ccgtatatag ktctagcata ggatctgcac a

41

<210> 995

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 995

ttgtctggac catctgccac rgtagataaa gctctgaatc a

41

<210> 996

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 996

ggcgccatcg cactccagcc ygggcaacag agtgagactc t

41

<210> 997

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 997

agtgagactc tgtccccccc scaaaaaaaaa actataatcc t 41

<210> 998

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 998

atgatagtcc tgaaaagata yatgaaagaa caatggccgt c 41

<210> 999

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents gtt or deletion

<400> 999

attagcattt ctaaaacgtt nattcaccat cccaattaat g 41

<210> 1000

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1000

cctgaacacc tggcacccca rggctggcac cccagggtg g

41

<210> 1001

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1001

gggctctcta ggggcctgtt ygatggggac agggcaggtg g

41

<210> 1002

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1002

gggcccgggc gggggaaggg sacgcagacc gcggacccta a

41

<210> 1003

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1003

acataaacag aggccgggaa sggggcgggg aggagggaga g

41

<210> 1004

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1004

gcggtgttaa atggggagac katgtcctag tacgagctct g

41

<210> 1005

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1005

gaattggcta tatgctcccc sggactggag cggcacagtc c

41

<210> 1006

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1006

gtacaaaacc ctttagcttt kgcaaaccctc cttaagacc c

41

<210> 1007

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1007

ttaagacccg atttaaagtc ytcctcctc atgaagctct t

41

<210> 1008

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1008

aagctcttct ggatccactc yttcccatca ctaagttgaa a

41

<210> 1009

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1009

cccatcacta agttgaaagt magatcccct tctctttact t

41

<210> 1010

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1010

ttacagtgcc ctttatagga ragaaagaag aaattgtgtc t

41

<210> 1011

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1011

tctctgtgga gcaaataagag rgctgtctga cacttggttc c

41

<210> 1012

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1012

gaatgtttga tttgtgaaaa wcttaataac agtagttttt t

41

<210> 1013

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1013

gtgctgacaa tcttatactc yaggttgaac ctccggggaa g

41

<210> 1014

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1014

gagcctcaat cacagattct stctagctca catgaagta a

41

<210> 1015

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1015

ggagcatgac tttgtggaag yctctcctct tccacccaga g

41

<210> 1016

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1016

gagggctgac tgtcacctt ygataggagc ccagcactaa a

41

<210> 1017

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1017

gtgggtggga ggaattggag saggaagctt gcctaagtgt g

41

<210> 1018

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1018

gtagcttcta aatcaacgaa stgattcctg gagagcagct t

41

<210> 1019

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1019

ggaggcacct gtgacacca rcggagtagg ggggcggtgt g

41

<210> 1020

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1020

agtgtgcata tgtgctgacc rtgggagctt gtttgtcgg t

41

<210> 1021

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1021

ggacacagga ctgtgtggtc yggatatggc atgtggctta t

41

<210> 1022

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1022

gctgtgggtg aagtgagtta rtggccccac tcttagagat c

41

<210> 1023

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1023

agtgacagcca aaattgcaaa rtcataccat tcaaattaat a

41

<210> 1024

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1024

aagaaaagtg atttatttca rgttgctgat gcttagattg t

41

<210> 1025

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1025

tgcttagatt gttagagttg saaagatctg gcttgcatct t

41

<210> 1026

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1026

tctggcttgc atcttgtaca rctgacagaa ctggggctca g

41

<210> 1027

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1027

tgatagctgt tgcctgcagc rtacggacgt tcattgcgca g

41

<210> 1028

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1028

tagctgttgc ctgcagcata yggacgttca ttgcgcagtt c

41

<210> 1029

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1029

tgttgccctgc agcatacgga ygttcattgc gcagttcctg t 41

<210> 1030

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1030

agcatacgga cggttcattgc rcagttcctg tctcctgaga t 41

<210> 1031

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1031

acataaagcc tgtgtgctgc ygccaggaag actagaaacg c 41

<210> 1032

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1032

gtcaccacat acctggcact rtgctaaggc tgggaatgca g

41

<210> 1033

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1033

ccagcccact tcattctacc rtagttacct ccttagagta t

41

<210> 1034

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1034

tgtcaaagag gaactaagga ygccaggac tttctgctta g

41

<210> 1035

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1035

ccctctcatc acttctcaa ygctggtatc atgaacccca t

41

<210> 1036

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1036

gacagaagaa aagtccccag rgaagaatac tacagacttg g

41

<210> 1037

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1037

gatgggcatt tgaacttggt rtctttaaaa agtgaaatct t

41

<210> 1038

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1038

tatctgggga gtgggcattt kctgactgag gcattggctg c

41

<210> 1039

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1039

ggctacaaaa ctgtgctttc yttgggcagt aaaagaggca a

41

<210> 1040

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1040

tagagaacaa gtctaattct rttttccttg aaatagtcga a

41

<210> 1041

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1041

aagtccatga ttttttaggc raaatggcct cctttcctct t

41

<210> 1042

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1042

ctttctttca caaaattgcc ycccagagct ttctggaagg g

41

<210> 1043

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1043

ccagtcacctc agccttgcca ytgcttatgc tggcttgga a

41

<210> 1044

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1044

gctcaccgct ctgctcaccc sacctctgg ccattctctc t

41

<210> 1045

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1045

cagcttggtc ccagaggcct rgacctgggt cccagaggtc c

41

<210> 1046

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1046

gctggttccc cggcttggtc ycagaggcct ggatgtgtgg c

41

<210> 1047

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1047

cctaccacac catgcacgtg yacagccaag ggttggtgac t

41

<210> 1048

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1048

ctgggctctt cctggacctg rccagctaaa aggaaatctc c

41

<210> 1049

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1049

gcattggtgg tactaagaac rcatattccc tatcctatag g

41

<210> 1050

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1050

ctcccccaac attaaaagtg yaagggatgc ttattcaaat g

41

<210> 1051

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1051

ggcccaagaa actgcatttt mgcatgctcc ctaaataag c

41

<210> 1052

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1052

atgctaacag tgtagagtca yatgtgatgg gaagcatcag g

41

<210> 1053

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1053

cttgctcaat ttattctgtc yatataactc aatattactg a

41

<210> 1054

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1054

catgtgaccc tcttagctcc rcggattaac tcctgtcctc a

41

<210> 1055

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1055

gaaacattct ctgggttctt rtatcacaac ctctctctcc c

41

<210> 1056

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1056

gcaacctggc gtcattggcc mgctgggtta aataaaattg a

41

<210> 1057

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1057

acagttctga ggcaataacc rtgggttaagg gttattgatc t

41

<210> 1058

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1058

cttctttcaa agcttgtggt yccatggacc acgtatgaag t

41

<210> 1059

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1059

atgaagtaga atagtttagg yccagaaagg caattaagta a

41

<210> 1060

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1060

gtgctttgat acattctgag kttcagtaaa gagacctgat g

41

<210> 1061

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1061

tgagctttgt ggcctaccaa rggagaaact ggctgcagca g

41

<210> 1062

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1062

catcataaag atgacattgt rggctgtcac agttggaagg c

41

<210> 1063

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1063

agaccacact atttagctta yttagtaata acattgcaaa g

41

<210> 1064

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1064

ttgcaaagaa aaattccgac raagtttttt cagcctagga a

41

<210> 1065

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1065

gctctgggtga aattcctctc sctaccccaa acatcatcat t

41

<210> 1066

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1066

acaaatgctc accctttcag ytggaatgat tgaaattttg g

41

<210> 1067

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1067

tgattaaggt ggctactacc rggtgctttc tgcataatctc g

41

<210> 1068

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1068

taggaattcc aagctgtgaa ytttttactg aagctctttg g

41

<210> 1069

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1069

atggaaattt gtttatattg wctacagatt gccaatatta t

41

<210> 1070

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1070

gaaatttggtt tatattgact rcagattgcc aatattatta g

41

<210> 1071

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1071

ctaacaatct tatttccatt sagtccttat aaaagaagtg g

41

<210> 1072

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1072

ctgacgttta agggagaccg ygtaggtccc ttgaggact g

41

<210> 1073

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1073

agtctgtaaa ttattgttct wttttttctt tagcttatgc t

41

<210> 1074

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1074

tagcaaggcc aatcatttta scaacacaca tgcttgctaa c

41

<210> 1075

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1075

ggaactgtct ggtgtccccc wgcataaggaa gctgagccag g

41

<210> 1076

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1076

attgctctgc agatcccctc rcagccctct gtcccttggt c

41

<210> 1077

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1077

ctttatgtgg gaagaaattt ktttttttga ttggggagtg g

41

<210> 1078

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1078

aaatggcctg gttctctgtc mcctttctgt ctgtatgcct c

41

<210> 1079

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1079

ggcagaaggc aaagcttagg wcctagagag tgctggacca c

41

<210> 1080

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1080

caaagcttag gacctagaga rtgctggacc acgccactca c

41

<210> 1081

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1081

cagggattta ttaatgattt mttgtgaaat gtttggaat a

41

<210> 1082

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1082

agtgccgga tacatttgca ygtaagacag aacgctgcct g

41

<210> 1083

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1083

ggcagagggg tctcagaatc ygcatttcca acaatgtctc c

41

<210> 1084

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1084

cgtattgtct gcgggcatcc ygagggaggg gggctgaaga t

41

<210> 1085

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1085

cccctcaaga gtcagtttaa rtgttgggtca tgttagttgt c

41

<210> 1086

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1086

atgggagggc ttgtgcttca ygaaaacatt tttccagatc a

41

<210> 1087

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1087

tgggggatggg gaggactggc rcagggtgc tgtgatgggg t 41

<210> 1088

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1088

ttctgcggtc cctggctccc yacctgactc caggtgaaca a 41

<210> 1089

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1089

gaaagaagtg tgggagcaaa mgcatgatgt tacatgtaga c 41

<210> 1090

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1090

agtgtcttag agacaattgg rttcaaattgt ggagcaggct g

41

<210> 1091

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1091

ctctatacaa tcattatgct sccattgaaa taataaatac a

41

<210> 1092

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1092

ctccaattcg gtagaaccag rgcttcatct tctctgtcga a

41

<210> 1093

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1093

gtttgcagct gctgtttttc yggcagcaca tctgtgcagg c

41

<210> 1094

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1094

ggcattat ttt gtgaaactta yctaaaatcg aattcgggtc c

41

<210> 1095

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1095

aattaaat ttt ttgaaat ttt rtattaaaaa ttatattagt a

41

<210> 1096

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1096

caggctcaga ggccttg gcc yatcacctg gctcacgtgt g

41

<210> 1097

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1097

atgggcctgg acaacagcat mctctggttt agctggttca t

41

<210> 1098

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1098

cttttagaca gaaaagttac rtgggatatt atctcccaca g

41

<210> 1099

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1099

tatataagga gaaaccagtt raaattacct attgaagaaa c

41

<210> 1100

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1100

ttctgcgtag ttttgggtaa rtcacttattc ttctttagga t

41

<210> 1101

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1101

cagttgcctc atcagaaaga wgaacagcat tacgcctctg c

41

<210> 1102

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1102

agttgagaac agaagatgat wgtcttttcc aatgggacat g

41

<210> 1103

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1103

tgggtgttttg cttgagtaat rttttctgaa ctaagcacia c

41

<210> 1104

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1104

ctgttgccctc agtctgggct ycataggcat cagcagcccc a

41

<210> 1105

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1105

gcttcaatct caccattcg rtctccatga tgctgtttga c

41

<210> 1106

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1106

ggttccaacc agaagagaat rtcagaaagt aagtgtgtt g

41

<210> 1107

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1107

tgaaagttca agcgagtgct sctgtgtcct tacactccac t

41

<210> 1108

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1108

aggaccttac agtgggtagt rtcaggaggg gtcaggggct g

41

<210> 1109

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1109

aaagcaccag cgtagcctc rgtggcttcc agcacgattc c

41

<210> 1110

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1110

ccctcctcat ctaaagtga yacatggggc tcatgtgcag g

41

<210> 1111

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1111

catgggatac tcttctgtta kcacagaaga gataaagggc a

41

<210> 1112

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1112

aaagctttgc cattctaggg rcatagcca tacagggtga a

41

<210> 1113

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1113

accccttttg ccatgttgaa rccaccatct ccctgctctg t

41

<210> 1114

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1114

gtcaaagaaa agagacttgt yaagaggtaa gagccttggc t

41

<210> 1115

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1115

acctttcacc ctcaggaagc raggctgttc acacggcaca c

41

<210> 1116

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1116

ctctttactt aagtacagtg kgaggaacag cggcatcagg a

41

<210> 1117

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1117

gttagaaatt cagcaacttg sgcccagctc agacctactg a

41

<210> 1118

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1118

catacatagg aaatgacaaa ygtttatgga tggatagtct a

41

<210> 1119

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1119

tcatttaatt ctcaaaaaa katgaaaaa tgaacactca g

41

<210> 1120

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1120

aatggtaaaa gccacttggt ytttgcagca tcgtgcatgt g

41

<210> 1121

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1121

actatcatgg gagataatga ytatggttgt ccatgattgg a

41

<210> 1122

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1122

caggaccag tgttctgagt yaccctgaat gtgagcacta t

41

<210> 1123

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1123

tatatgattt ttaggttttg yttatcagct tcttcgcttt t

41

<210> 1124

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1124

ccttttaaaa agtaagcagt rgataaataa attcagtga g

41

<210> 1125

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1125

ctggatttca tggatgccttt sattttccac atgaaggttg t

41

<210> 1126

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1126

tcttcccttt gcagagacac rccctgccag gcaggggagg a

41

<210> 1127

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1127

ggctccttgt tactgatttc ygtcttttct ctctgccttt t

41

<210> 1128

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1128

taatagccct catgctagaa rggagccgga gcctgtgtat a

41

<210> 1129

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1129

cctcatgcta gaagggagcc rgagcctgtg tataaggcca g

41

<210> 1130

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1130

ctttcctcaa tgtctcagct rtctaactgt gtgtgtaatc a 41

<210> 1131

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1131

ctgtgcaccc cactgtctgg sttttaatgt caggctgttc t 41

<210> 1132

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1132

tatgacagga ctggacacca raaataatgt caaggtaaac c 41

<210> 1133

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1133

aacctatcta aacctcagtt ycctcatctg tgaaatggag a 41

<210> 1134

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1134

aactctgtac attttatcag yagcttatcc atccattgca a

41

<210> 1135

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1135

caggcatagg tgattcagag rtgaaaggtc aagtcacctga a

41

<210> 1136

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1136

aaattaaaat tactctgact kggaatccat cggttcagtaa g

41

<210> 1137

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1137

tgaaggtaag gaaaatagtg ktatttgctt ggatccactg g

41

<210> 1138

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1138

gaaggtaagg aaaatagtg yatttgcttg gatccactgg c

41

<210> 1139

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1139

agcactggaa aagtcaaacc rtaactttga gaattagtg a

41

<210> 1140

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1140

cttgttactc ttttttcctt stcatgggtg atagccattt g

41

<210> 1141

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1141

tgatgtgggc atccgcagc yccctccctg cccatcctgg a

41

<210> 1142

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1142

cattggtttt atatgcttac mtttatgtgt tagttattaa a

41

<210> 1143

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1143

aataaatggt tgattttgag wttgagtttc atagtccaaa a

41

<210> 1144

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1144

ataaatggtt gattttgagt ytgagtttca tagtccaaaa a

41

<210> 1145

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1145

agatgaaaaa ttatgtagat rataatgaat gatacggttc t 41

<210> 1146

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1146

tgtagatgat aatgaatgat rcggttctaa aaagacaggt t 41

<210> 1147

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1147

tacagccaca cttaaaatgg wccattatg aaatacatat t 41

<210> 1148

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1148

taggtgagaa aagaagtggc ytgatatttg ctgcaaagac t

41

<210> 1149

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1149

acaatataat ttgcttggtt yttaagagta taatttagtg a

41

<210> 1150

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1150

tggttttttaa gagtataatt yagtgatttt tggtaaattg a

41

<210> 1151

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1151

tttacattgc tacataaaat ycccctatgt acatgtacct a

41

<210> 1152

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1152

gatctcctct cctgtctctt wcatttttgc agtagcaatg t

41

<210> 1153

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1153

tggttgtaag aactgatttg rttggtatag ctgtgagggc c

41

<210> 1154

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1154

gtgttgctca cactcaaaat ktctgggcct tctcatttgg t

41

<210> 1155

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1155

aatatatacc ttatggcttt yccacacgca ttgacttcag g

41

<210> 1156

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1156

ttatactgac ttcaatagag stttcagaca aaaagttggt t

41

<210> 1157

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1157

ttcacaattg taaacaccac yacactgaac agcatcatcc c

41

<210> 1158

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1158

agggtgtgga ttcttgcccc sacactcccg cccataggtc c

41

<210> 1159

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1159

aacaaaaatg tgggtgtctc yaggcacggg aaacttggtt c 41

<210> 1160

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1160

aggagcccac tgtaacaata ytgggcagcc tttttttttt t 41

<210> 1161

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1161

aacttcttcc actttttcca raatttgaat attaacgcta a 41

<210> 1162

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1162

ttccagaatt tgaatattaa ygctaaaggt gtaagacttc a 41

<210> 1163

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1163

aactattttg aagaaaacac racatttttaa tacagattga a

41

<210> 1164

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1164

tgacttaaat atttagacat nggtgtgtag gcctgcattc c

41

<210> 1165

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1165

tgacttaaat atttagacat ggtgtgtagg cctgcattcc

40

<210> 1166

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents c or deletion

<400> 1166

ttctgatggg gttgttgctg ntgagaatca tgactgggtg g

41

<210> 1167

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 1167

cattttctgt ctgaaccccc ncacccattc aggagctgc t

41

<210> 1168

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 1168

tccctacttc tccttttttt ncatttgcct cctccacca c 41

<210> 1169

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1169

cttttcaggg aggagccaaa ncgtcattg tctgtgcttc t 41

<210> 1170

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1170

cttttcaggg aggagccaaa cgctcattgt ctgtgcttct 40

<210> 1171

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1171

tttagcccat cctctcccc ngccaccctc cttattgagg c 41

<210> 1172

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1172

tttagcccat cctctcccc gccaccctcc ttattgaggc

40

<210> 1173

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1173

gagtgcccttg ggtactctct ngatggggga ctccatgata a

41

<210> 1174

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1174

gagtgcccttg ggtactctct gatgggggac tccatgataa

40

<210> 1175

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents c or deletion

<400> 1175

gctgtatatt gtgaatgtcc ngttttcaaa agcaaagcca a

41

<210> 1176

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1176

cgtatgatat tccccattct ragtccagaa tacctagaaa t

41

<210> 1177

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1177

tgtgagtatg ggaaggggaa rcttttctgt ctgttgtccc c

41

<210> 1178

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1178

caggggctcc aggaggacga rtgtgtatcc tcccatgtgct c

41

<210> 1179

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1179

gagaagttgg gaagtctggc yagtggggcc ggtgcctggt g

41

<210> 1180

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1180

cccagcccca gtttccccac ytgggaaggg ggctacttgt g

41

<210> 1181

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1181

ctggcccatg gaaggaggagg ragggggccc cgacggggcc a

41

<210> 1182

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1182

agggagggga gggggccccc rcggggccac agtaaaggag t

41

<210> 1183

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1183

tgtgtatgtt cttggtaaac yagcccttgg tcttacacat c

41

<210> 1184

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1184

cctctccttt ggccaccgtt tactaccccc aactccgggc c

41

<210> 1185

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1185

ggagaagctg ttatcaccct rtttccaggg ggctgggaac c

41

<210> 1186

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1186

ccccaaggtg ggcggttcgg kgattcagag agggcagctc t 41

<210> 1187

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1187

ggctcctgct ctttgggaga rgtggggggc cgtgcctggg g 41

<210> 1188

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1188

ctgctctttg ggagaggtgg kgggccgtgc ctggggatcc a 41

<210> 1189

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1189

tcagcctcag cctctccaaa sagccaggca ttccagtaga g

41

<210> 1190

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1190

accagacacc agggcagaaa yggcacagga ccaaggagat g

41

<210> 1191

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1191

agatggggtg gggaagggcc rctctgggcc cagcctgctc t

41

<210> 1192

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1192

aaggcagccg ccctgctcaa rgcctaggcc attgtcctcc t

41

<210> 1193

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1193

cagaggcaga tgacagtctt ycgttaaaga ttctactgct g

41

<210> 1194

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1194

aatataactg atataattgg racatttcat gttggcctag t

41

<210> 1195

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1195

cacttgtgct tggacaagaa ragaaggcct acaagaaaaa g

41

<210> 1196

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1196

caatcagaaa tgtaagaaaa mctccaagaa aaatttaagt t

41

<210> 1197

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1197

accaaacttg gaagtgtaaa rttatgcatg tatgttcatg t

41

<210> 1198

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1198

ttaacatagt gagtttggag ycccaggatt ttattttcct t

41

<210> 1199

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1199

caaccctcat gaattcttag ytgggatggg tccctataac a

41

<210> 1200

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 1200

gtagatgagc aatgagttc nggagagatt taaataccct a 41

<210> 1201

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1201

gtctatgcat tcatgcatcc rtctaaccag ctgtctacct a 41

<210> 1202

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1202

atgtgactta aacttcaggt rtatcaatat cccttgaatg t 41

<210> 1203

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1203

cagaaagaag acitttcaga rtatatatat aatgaatatt t 41

<210> 1204

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1204

tttgagaaaa atttaaggta ntcttctatg gcccaattcc a 41

<210> 1205

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1205

tttgagaaaa atttaaggta tcttctatgg cccacttcca 40

<210> 1206

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1206

ccctgtgacc aagcagataa mctcatgctt tatttagtcc a 41

<210> 1207

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1207

cctgtgtttg aaagaagctt natatatattt gtcttcatta t

41

<210> 1208

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1208

cctgtgtttg aaagaagctt atatattttg tcttcattat

40

<210> 1209

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1209

ctttcttttg ggaaaatatg yctttgtctt ctatatatga a

41

<210> 1210

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1210

tacttacagg ttgatttttag nacacagcag actctgtctt c

41

<210> 1211

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1211

tacttacagg ttgatttttag acacagcaga ctctgtcttc

40

<210> 1212

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1212

ttacaccaga ccccatactt kaacaccata tgtcacaaaa t

41

<210> 1213

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1213

gtaggcagcc tattcttgat katattcatc aatcatacag a

41

<210> 1214

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1214

acagaaaaag tattgtagac rgaaataaca attcattgag a 41

<210> 1215

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1215

aaggaggagcat gaatagtcca saagtaactg agaactgatt a 41

<210> 1216

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1216

caaaagaaaag ggagtaaaga stcaacaatc agttagcttt t 41

<210> 1217

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1217

attttatttg gggctttcta ygtctctctc tcctaagcct a 41

<210> 1218

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1218

tgtcatactt aactcttaaa satccagagt aaatgatgga g

41

<210> 1219

<211> 38

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1219

taccagttga cccagcaacc ytcttataga gtagttta

38

<210> 1220

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1220

aatgatccac aaaattacta stcattgttt tctttcaatg a

41

<210> 1221

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1221

cacacacaca cacacacaca scaaatggaa gcagccagac a

41

<210> 1222

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1222

gaaaaagaaa atctggctta yatcatgttg aaaacaaaag t

41

<210> 1223

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1223

tccaattcca cttctccta sagcatatcc tgcagttacc t

41

<210> 1224

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1224

gtcttggttc atctcttgag wtaaattaga tctgggaact t

41

<210> 1225

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1225

tatgtcactc tcaagaactc ytataagacc aagagtcac t

41

<210> 1226

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1226

ctgaaaatga aactgaacc rttaatcata ctgatatgta c

41

<210> 1227

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1227

gtggagcaca gcattttagg rcttgatatt tgcttattat a

41

<210> 1228

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1228

ggtgacctgg tgccatcccc raccaggaga cgcaggtgcc c

41

<210> 1229

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1229

ctgaggcacg agggacaaga kgtcgtcggg gagtgaaagc a

41

<210> 1230

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1230

ccactcttca aaaggaggta yatgtgacag cagctggaaa t

41

<210> 1231

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1231

gaatccacca gggccatggg rctggcctct gattgggcac a

41

<210> 1232

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1232

gcctgggcta ggtgtagggg kcctgagttc cgggctttgc t 41

<210> 1233

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1233

cttcctgtg ttcacactaa ycttttcctt ctttgaaatt g 41

<210> 1234

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1234

atagccagga gaagccttga racccaggtt gtttggtcag t 41

<210> 1235

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1235

tcctgctag gaactgttta yataatgaaa ggaggggacc t 41

<210> 1236

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1236

ctggccatcc tgctacagca wctggagttc agcgtgccgc c

41

<210> 1237

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1237

cggctgcgct tctccatcaa ytgaagaaga caccaccatt c

41

<210> 1238

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1238

tgtatcctgt gaagcatcac rgttatcctt ctctgcacat g

41

<210> 1239

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1239

tgacagcact taccaaccta sttcctctga tttttgagtc a

41

<210> 1240

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1240

gggggaagcc acccccgcc ragcgctcc ggcttccctt a

41

<210> 1241

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1241

ttccgggaag caagctcaag ycgcggagag ggaagggagg t

41

<210> 1242

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1242

ctggggacac cgtgcggcct ygattggagg tggctgtgat g

41

<210> 1243

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1243

tgcccgagc gttgtcccca rattgcagga accgttacgc g

41

<210> 1244

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1244

tgagtgtcac gccttctcct ytctgtcccc agcatgggca c

41

<210> 1245

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1245

agcttctggg agattttttt ngagtcaaag acttaaaggg c

41

<210> 1246

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1246

agcttctggg agattttttt gagtcaaaga cttaaagggc

40

<210> 1247

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1247

agtatagtgg ggttccatga kttatcatga atttttaaagt a

41

<210> 1248

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 1248

tttctttttc tttttttttt naaaatttat tcctatttcc t

41

<210> 1249

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1249

ttctttttct tttttttttt naaaatttat tcctatttcc t

41

<210> 1250

<211> 40

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1250

ttctttttct tttttttttt aaaattttatt cctatttcct

40

<210> 1251

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 1251

tttttctttt tttttttaaa nttttattcct atttccttac a

41

<210> 1252

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents tgt or deletion

<400> 1252

attgtgtgag actcagaggt nccgtgttag tctttgggat t 41

<210> 1253

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1253

tcatgaagcc tgtaaggcac rtctctgccc caagcagctt c 41

<210> 1254

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1254

aaggcacatc tctgccccaa rcagcttcta atccagttct t 41

<210> 1255

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1255

gagttctctg aaggagctaa yaccagtttag tgttttgaag a 41

<210> 1256

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1256

agtgggcagg ggagactaac ygggtgtgtg aggggtgggc t

41

<210> 1257

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1257

gatttttctt aaagaaagaa rgaaagaaac atacaacata c

41

<210> 1258

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1258

gcattcttgct gtccacaggc mggggcacct ccaggattca g

41

<210> 1259

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1259

ggccggggca cctccaggat ycagaagatg actccagtag g

41

<210> 1260

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents t or deletion

<400> 1260

ccgtgggttt ttttttttt ncttcatttc tttggttgct g

41

<210> 1261

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1261

atgttaggag ggtattttta yatccctcca gttaacaaat a

41

<210> 1262

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1262

ctggattgca acattttaat yccaggtgtc aggtttccaa c

41

<210> 1263

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1263

gaatcaccag tgcgggaggt rtaacagtga acccaagaca c

41

<210> 1264

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1264

ctgtagaaca caaggatatt yggaggcagt ttgtacatgc c

41

<210> 1265

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1265

ccttcccaca gagtcccag wtcatgtggc agcatgccag a

41

<210> 1266

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1266

aaagatttgc taagagattc rcagaggcaa cctgaggccc t

41

<210> 1267

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1267

atgtttatat tttatattaa yattaatgta aataaaaatt t

41

<210> 1268

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1268

attaaagtac actattcagg yatatcatgt aggtttactt t

41

<210> 1269

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1269

gctgtggcct ttgacaatgt rttacttaga aatgttggtt g

41

<210> 1270

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1270

tggcctttga caatgtgtta yttagaaatg ttgtttgttt t

41

<210> 1271

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1271

ttccagcaga gacaccaaca rgtaaaaaca ccccagctac a

41

<210> 1272

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1272

tttttttccc tcatatttgc ygtctgtgct acaatatgtg a

41

<210> 1273

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1273

ctctggtagc cttttaatta rtttaattcat tcattttactt a 41

<210> 1274

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1274

tggttagcctt ttaattaatt mattcattca tttacttaca t 41

<210> 1275

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1275

aggttacaga aagaatggtg mttggccaaa aaatgatatg g 41

<210> 1276

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1276

taatgagagt taagtaggag mattttcttt tatttttgtg c 41

<210> 1277

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1277

gagcattttc ttttattttt rtgcaggaga aatataaaca a

41

<210> 1278

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1278

aggtgccttt tctattgtcc yatgcagact taggtgatcc t

41

<210> 1279

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1279

gtctgacaca gaaggatcaa wggcaaaatg tgcaagacaa a

41

<210> 1280

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1280

taggaggttc actgggaaac ytgaattcca ctgagtcatg a

41

<210> 1281

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1281

tataaataca gtgttaaatt ygtctctcgt attttaaggt a

41

<210> 1282

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1282

tgtgtcagta aaatattata ytaagtaggt gaatgagatc a

41

<210> 1283

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1283

tatattaagt aggtgaatga katcatgtaa ttgtgagact a

41

<210> 1284

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1284

ttagagattc agacgaattc rtataatctt cgatggtgta t

41

<210> 1285

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1285

gttaaaatgt ggataaatac yacaatttgc aaaatatttg g

41

<210> 1286

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1286

atttagaagt tctatacatc ytttatagta tattacacac t

41

<210> 1287

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1287

tatagtatat tacacacttc raaaacacaa aattatTTTT t

41

<210> 1288

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1288

caagtcacatct cttcaaattt rttaattgga gttccctgct c

41

<210> 1289

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1289

ttagaaattg gtctttctta raatgggtcta gttaagttcc a

41

<210> 1290

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1290

cacgatctgt cctccgattc ytggttaactc tagactttct g

41

<210> 1291

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1291

gtaaatcccc ggcaaaaacc rgcagcgcct tgcaagccca c

41

<210> 1292

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1292

agcatggcgc ggggaggagg kgtgggaggg tcgggaggga c

41

<210> 1293

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1293

tgaataattt aaaggggccg ygcctgcgga gccgggcgga a

41

<210> 1294

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1294

tcttgccata tacttagtgg rggggtctac atcaggggtt t

41

<210> 1295

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1295

agcctccagc ctctcttctc ygggggttat ctcaggcatc t

41

<210> 1296

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1296

ggtgctggct ctgggatccc ygtgcgtcat gtagtctacc t

41

<210> 1297

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1297

tggcctcaag caatcctccc rcctcggcct cccaaagtgc t

41

<210> 1298

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1298

gaatgtttat gtagaacaga ragactgtat ctgcggtctt c

41

<210> 1299

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1299

tatctggtac cgaggaagct stggcctcgt ccccaagggc c

41

<210> 1300

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1300

atccaggtcc accgcctgcc ygtcttgatt gttttaatct g

41

<210> 1301

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1301

agcccccgcgct cgggtaaggc ytgggaccct gcccggtggt g

41

<210> 1302

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1302

gccaccgcgc cctgcgcctt yatatttttc ttaacccttc c

41

<210> 1303

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1303

agagccggcc ggcccagagc rtgctgggag atgtagtccg g

41

<210> 1304

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1304

gaagaaatcg tgcccctgag rgtttcaaac cctaagtagg a

41

<210> 1305

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1305

ttcaaaccct aagtaggacc saggtgcaga gcattctggg g

41

<210> 1306

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1306

ccactgtact ccagccggga ygacagagct agaacctgtt t 41

<210> 1307

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1307

tggaaaatag tctgtggatt kttgtttagg actctgggca c 41

<210> 1308

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1308

acagctggtc taggctgtta stggagaaac tgggaagcaa c 41

<210> 1309

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> modified base

<222> 21

<223> n represents a or deletion

<400> 1309

gaagcaacag ctgggtcaaa ngtagctttt cttttcttgg c

41

<210> 1310

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1310

cactgcaacc tctgcctccc rggttcaagt gattctcctg c

41

<210> 1311

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1311

ctgcctcggtt ttatgttcag ktccccatt agacagagga a

41

<210> 1312

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1312

agtctgggag cacaggagca rgaatttcag ataaggagga a

41

<210> 1313

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1313

tggggagggt ggtgggtggg sctggagcct caaattcttt c

41

<210> 1314

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1314

caaattcttt cagacctgag ytcaagttct cggcttccaa c

41

<210> 1315

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1315

cagacctgag ttcaagttct yggcttccaa ccacggagcc t

41

<210> 1316

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1316

gtggggcggc tgggtgacctc mgccgtccgt attccgcagc t

41

<210> 1317

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1317

gcctgcagca accgctgacg ycacgtgggg ttggggggat g

41

<210> 1318

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1318

cgctcccaggt cagcgagccc rtcgggccgg ctgggcctcc g

41

<210> 1319

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1319

acctcccgca ccacacacac rcacacgcgt gggcacacac a

41

<210> 1320

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1320

aaaaatacaa aaaattaacc rggctgggtg ggtgtgcctg t 41

<210> 1321

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1321

ttaaccaggc tgggtgggtg ygcctgtaat cccagctact c 41

<210> 1322

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1322

aaatcacttg aacctgggag ktggagggtg cagtgagctg a 41

<210> 1323

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1323

gtgtgcacac cagctatata ygcaaagtct ttctctcagg g

41

<210> 1324

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1324

gcacaccagc tatatatgca matgctttct ctcaggggca g

41

<210> 1325

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1325

tgaaataggg catttgcaa ygcattgccag tctgtcccgt t

41

<210> 1326

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1326

gcacacacgt agataggatg yggcacctct gaccgagtta a

41

<210> 1327

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1327

tggtgcctgc ataggtggtc yggctaagct ttgtactta a 41

<210> 1328

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1328

ggtgcctgca taggtggctc rgctaagctt tgctacttaa a 41

<210> 1329

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1329

gtctgtcaag ggcaggacag rggatgtgta ggcgagtgtg c 41

<210> 1330

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1330

aatggcttcc tgtcgttttc rgactgggga cccaccttct g

41

<210> 1331

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1331

atcttctgat gactgggctt ygggtgcagta actgggtgtt g

41

<210> 1332

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1332

gatactgttg gtgggagaaa ygacagagag tgtaaaacag t

41

<210> 1333

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1333

gtttctcaac aggtgcattc ktgacgtttc agactggata a

41

<210> 1334

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1334

cagaaggcgt ggaggcctgc ygcgcctccc tctgttgctg c

41

<210> 1335

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1335

attgcttgaa cccaggaggc rgaggttgca gtgagccaag g

41

<210> 1336

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1336

ggaactgctt gggtcacagc ytcgttttgt tcccagtatc c

41

<210> 1337

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1337

aagagaaata ggtcattagg wtgaatttgt taggcaagag a

41

<210> 1338

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1338

cacagcgtgg agacggggca rggagggggg ttattaggat t

41

<210> 1339

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1339

catattaata gaagagtctt ygttccagac gcagtccagg a

41

<210> 1340

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1340

atcaaagtgg ctttgatttt ygcataagaa tgggtgactct t

41

<210> 1341

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1341

gataagttct agaactggca mctaatgata tggactagaa g

41

<210> 1342

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1342

gtcatatccc acccccaaat matgcagcca aggttactga a

41

<210> 1343

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1343

agttatgaaa ccgatTTTTTc ygggactggT tgttctagtc t

41

<210> 1344

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1344

aggtttccag atgtgttccc yaggcattcc tggTggtagg a

41

<210> 1345

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1345

cttattcttt ggtcagttgg ytttctacca cctcttagct t

41

<210> 1346

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1346

gttaaggata tgtgaactca raatttttat acacagtgc a

41

<210> 1347

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1347

ggactagtgg aagaattaga sctttcctga ataaatagat c

41

<210> 1348

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1348

aaaactggca ggagaatttc rctggagctg catgcaggac t

41

<210> 1349

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1349

gggtattgga aagttcttgc rgctgctgga ggctgcggtg t

41

<210> 1350

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1350

ggtataaggc aagttttttt waaaaaatta attgcttaat c

41

<210> 1351

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1351

ggactcttac cagcttagtt kcctgggttt ctaatctaaa a

41

<210> 1352

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1352

tggccaggaa ggagtaacc rttggagaaa cagtgaacct g

41

<210> 1353

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1353

aactttttaa gtcttaagac wggaaggcct gtgtcctagg c

41

<210> 1354

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1354

ccctctcacc gcccacatgcc rcttttcctc ctttgtagca t

41

<210> 1355

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1355

agtgcctgcga ttacaagcct sagccacctg cacagcctct g

41

<210> 1356

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1356

taccataatt tatgtgtcct rtatgacatg aatttcattg g

41

<210> 1357

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1357

gttaaggata tgtgaactca raatttttat acacagtgc a

41

<210> 1358

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1358

ttaatgaggt taagcacatg ktcatatgtt taaaagcctt t

41

<210> 1359

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1359

catgagtttt ctgagcccca stttatctaa ctataaaatg a

41

<210> 1360

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1360

gtgcagggtc cccctgatgc yatagccagt tcctctttag a

41

<210> 1361

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1361

atgagctgaa agcaaagggtt ytcagcccct tcccctgata a

41

<210> 1362

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1362

ttccaggtga cacatttagt rcctaatttg ggaaatgtta a

41

<210> 1363

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1363

tgттаатста гтссаатссс мтtagтаага аaggagggt c 41

<210> 1364

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1364

сатсctgatg сacagттatt yaaattтаag ctccatttg t 41

<210> 1365

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1365

atgtatggag татттatgga rтааagtatt ссatgctgta t 41

<210> 1366

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1366

саagсаатag gattgttttc ratattcttc atсatсcttg c 41

<210> 1367

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1367

tatactgagg atctttctga yagggaggaa ttattatgtc c

41

<210> 1368

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1368

tgagccaact actgtactag ractgggggc actcaatgaa t

41

<210> 1369

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1369

atgggccaga cccaactcac kgatttttta gtgtatctga g

41

<210> 1370

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1370

gggtccctaa agtttccttt sctctaactc aaaggaccta a

41

<210> 1371

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1371

cagattggcc cagcaaaggc magatccagt ttaacaacta c

41

<210> 1372

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1372

aacaactacc aagtgcggtta ycgacctgag ctggatctgg t

41

<210> 1373

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1373

agagggatca cttgtgacat yggtagcatg gagaaggtag g

41

<210> 1374

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1374

ttccctagga tggacacgtc rtttccagaa ctttgaaatg t

41

<210> 1375

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1375

gtgttagtg atgcctggca yagaattttc atccaggctc g

41

<210> 1376

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1376

gccaaaattt tacatcacgc raatgaaaac gaacaagggtt a

41

<210> 1377

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1377

ctggctccat cttttacca yggacgtatt ccttactctt c

41

<210> 1378

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1378

gtgaattttt attataagct ygttctcctt aaaactttat c

41

<210> 1379

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1379

acatccttct cccctcagtc ytcggttagt ggcagtattc t

41

<210> 1380

<211> 41

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 1380

tggcagtaga gcagggtgag raggattatt ctgcagagga a

41

【 0 0 7 6 】

【配列表フリーテキスト】

配列番号580：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。

配列番号634：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。

配列番号656：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。

配列番号658：nはc又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号671：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号672：nはg又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号673：nはc又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号674：nは(cctgy)_xを表す（存在位置21）。
配列番号676：nはgaa又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号677：nはag又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号808：nはag又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号809：nはta又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号830：nはca又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号831：nはag又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号890：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号913：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号932：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号933：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号955：nはat又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号956：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号957：nはc又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号999：nはgtt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1166：nはc又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1167：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1168：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1175：nはc又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1200：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1248：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1251：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1252：nはtgt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1260：nはt又は欠失を表す（存在位置21）。
配列番号1309：nはa又は欠失を表す（存在位置21）。

【図面の簡単な説明】**【図 1】**

TaqMan プローブを示す図である。

【図 2】

TaqMan PCR法の概要を示す図である。

【図 3】

蛍光色素を付したプローブを示す図である。

【図 4】

インベーター法の概要を示す図である。

【図 5】

フレットプローブを示す図である。

【図 6】

インベーター法の概要を示す図である。

【図 7】

アレルとマッチしないプローブを示す図である。

【図 8】

ライゲーション反応によるアレルの識別の概要を示す図である。

【図 9】

ATP結合カセットサブファミリーBメンバー 2 (ABCB2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 1 0】

ATP結合カセットサブファミリーBメンバー 4 (ABCB4) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 1 1】

ミクロソームエポキシドヒドロラーゼ1 (EPHX1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 1 2】

細胞質エポキシドヒドロラーゼ (EPHX2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示

す図である。

【図 13】

グアニジノアセテートN-メチルトランスフェラーゼ (GAMT) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 14】

ニコチンアミドN-メチルトランスフェラーゼ (NNMT) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 15】

フェニルエタノールアミンN-メチルトランスフェラーゼ (PNMT) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 16】

ホスファチジルエタノールアミンN-メチルトランスフェラーゼ (PEMT) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 17】

グルタチオン-S-トランスフェラーゼ3 (GSTM3) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 18】

アルデヒドデヒドロゲナーゼ5 (ALDH5) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 19】

トランスグルタミナーゼ1 (TGM1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 20】

ガンマ-グルタミルトランスフェラーゼ1 (GGT1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 21】

NAD(P)H: キノンオキシドレダクターゼ1 (NQO1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 22】

キノノオキシドレダクターゼ相同体のp53誘導遺伝子3 (PIG3) の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 2 3】

NRH: キノノオキシドレダクターゼ2 (NQ02) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 2 4】

スルホトランスフェラーゼ1A1 (SULT1A1/STP1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 2 5】

スルホトランスフェラーゼ1A2 (SULT1A2/STP2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 2 6】

スルホトランスフェラーゼ-関連タンパク質3 (SULTX3) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 2 7】

チロシルタンパク質スルホトランスフェラーゼ1 (TPST1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 2 8】

チロシルタンパク質スルホトランスフェラーゼ2 (TPST2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 2 9】

スルホトランスフェラーゼ1A3 (SULT1A3/STM/HAST) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 0】

セレブロシドスルホトランスフェラーゼ (CST) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 1】

スルホトランスフェラーゼ1C1 (SULT1C1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 2】

スルホトランスフェラーゼ1C2(SULT1C2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 3】

甲状腺ホルモンスルホトランスフェラーゼ(ST1B2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 4】

炭水化物スルホトランスフェラーゼ2(CHST2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 5】

スルホトランスフェラーゼ2A1(SULT2A1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 6】

スルホトランスフェラーゼ2B1(SULT2B1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 7】

炭水化物スルホトランスフェラーゼ4(CHST4) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 8】

炭水化物スルホトランスフェラーゼ5(CHST5) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 3 9】

HNK-スルホトランスフェラーゼ(NHK-1ST) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 4 0】

エストロゲンスルホトランスフェラーゼ(STE) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 4 1】

アルコールデヒドロゲナーゼ1(ADH1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図

である。

【図 4 2】

アルコールデヒドロゲナーゼ2 (ADH2) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 4 3】

アルコールデヒドロゲナーゼ3 (ADH3) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 4 4】

アルコールデヒドロゲナーゼ6 (ADH6) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 4 5】

アルコールデヒドロゲナーゼ7 (ADH7) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 4 6】

短鎖アルコールデヒドロゲナーゼファミリー遺伝子 (HEP27) の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 4 7】

L1 細胞接着分子 (L1CAM) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 4 8】

アリールアルキルアミン N-アセチルトランスフェラーゼ (AANAT) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 4 9】

サッカロミセス・セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*) の N-アセチルトランスフェラーゼ相同体 (ARD1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 5 0】

N-アセチルトランスフェラーゼ (NAT1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 5 1】

N-アセチルトランスフェラーゼ2 (NAT2) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す

図である。

【図 5 2】

グランザイムA(GZMA)遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 5 3】

グランザイムB(GZMB)遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 5 4】

エステラーゼD/ホルミルグルタチオンヒドロラーゼ(ESD) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 5 5】

ドリシル-ジホスホオリゴサッカライド-タンパク質グリコシルトランスフェラーゼ(DDOST) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 5 6】

ミクロソームグルタチオン-S-トランスフェラーゼ(MGST1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 5 7】

アルコールデヒドロゲナーゼ 5 (ADH5) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 5 8】

グルタチオン S トランスフェラーゼM 1 (GSTM1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 5 9】

グルタチオン S トランスフェラーゼM 2 (GSTM 2) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 6 0】

グルタチオン S トランスフェラーゼM 4 (GSTM4) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 6 1】

グルタチオン S トランスフェラーゼ Z 1 (GSTZ1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 6 2】

グルタチオン S トランスフェラーゼ Π (GSTZPi) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 6 3】

グルタチオン S トランスフェラーゼ θ 1 (GSTT1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 6 4】

ミクロソームのグルタチオン S トランスフェラーゼ 1 様 1 (MGST1L1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 6 5】

ミクロソームのグルタチオン S トランスフェラーゼ 2 (MGST2) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 6 6】

ミクロソームのグルタチオン S トランスフェラーゼ 3 (MGST3) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 6 7】

グルタチオン S トランスフェラーゼ A 1 (GSTA1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 6 8】

グルタチオン S トランスフェラーゼ A 4 (GSTA4) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 6 9】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 1 (NDUFA1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 7 0】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 2 (NDUFA2) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 7 1】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 3 (NDU

FA3) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 2】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 5 (NDU

FA5) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 3】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 6 (NDU

FA6) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 4】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 7 (NDU

FA7) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 5】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 8 (NDU

FA8) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 6】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α/β サブコンプレックス 1 (NDUFAB1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 7】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 α サブコンプレックス 9 (NDU

FA9) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 8】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ Fe-S プロテイン 1 (NDUFS1) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 7 9】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ Fe-S プロテイン 3 (NDUFS3) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 8 0】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ Fe-S プロテイン 4 (NDUFS4) 遺伝子の構造とSNPの存在位置を示す図である。

【図 8 1】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ Fe-S プロテイン 5 (NDUFS5) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 2】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ Fe-S プロテイン 6 (NDUFS6) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 3】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ Fe-S プロテイン 8 (NDUFS8) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 4】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 β サブコンプレックス 3 (NDUFB3) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 5】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 β サブコンプレックス 5 (NDUFB5) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 6】

NADH-ユビキノン オキシドリダクターゼ 1 β サブコンプレックス 7 (NDUFB7) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 7】

ATP 結合カセット サブファミリー A メンバー 1 (ABCA1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 8】

カテコール-O-メチルトランスフェラーゼ (COMT) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 8 9】

ヒスタミン N-メチルトランスフェラーゼ (HNMT) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 9 0】

チトクローム P 450 サブファミリー 1 (アロマティック化合物誘発性) ポリペプチド 1 (CYP1A1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 9 1】

チトクローム P 4 5 0 サブファミリー 1 (アロマティック化合物誘発性) ポリペプチド 2 (CYP1A2) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 9 2】

チトクローム P 4 5 0 サブファミリー 1 (ジオキシン誘発性) ポリペプチド 1 (CYP1B1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 9 3】

アリルアセタミドデアセチラーゼ (AADA) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 9 4】

ニューロパチーターゲットエステラーゼ (NTE) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 9 5】

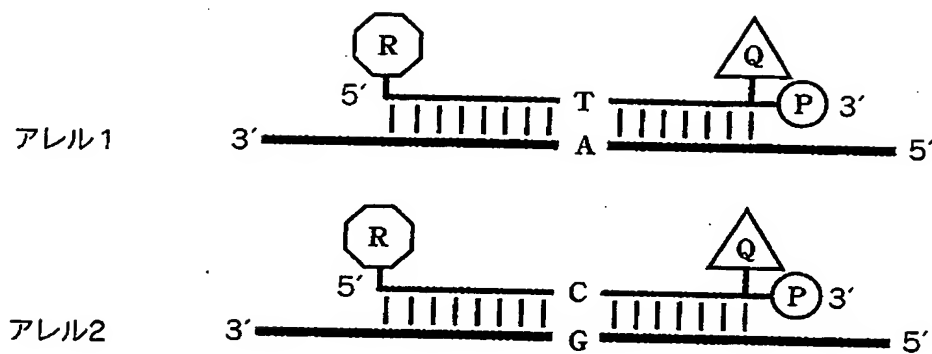
A T P 結合カセット サブファミリー C メンバー 2 (ABCC1) 遺伝子の構造と SNP の存在位置を示す図である。

【図 9 6】

異なる 2 グループの被験者についてインベーター法によりタイピングを行った結果を示す図である。

【書類名】 図面

【図 1】



【図 2】

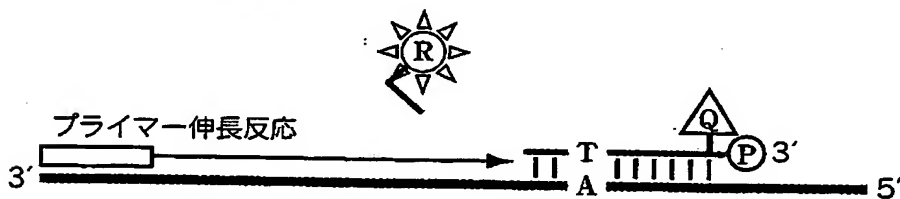
a. ハイブリダイゼーション



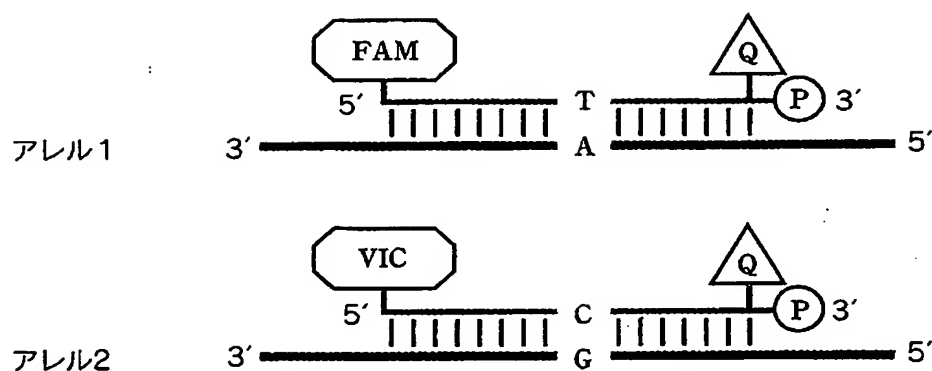
b. PCR反応



c. 5'ヌクレアーゼ活性

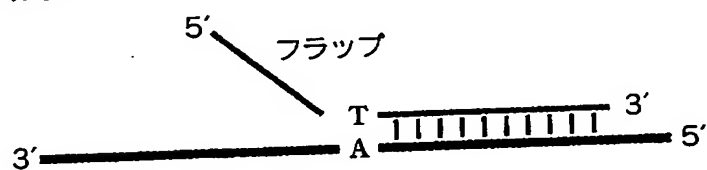


【図3】



【図4】

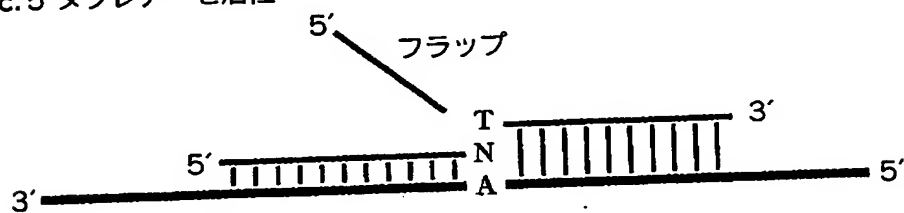
a. アレルプローブ



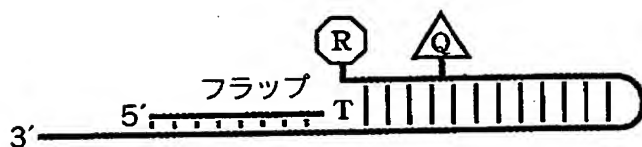
b. インベータープローブ



c. 5'ヌクレアーゼ活性

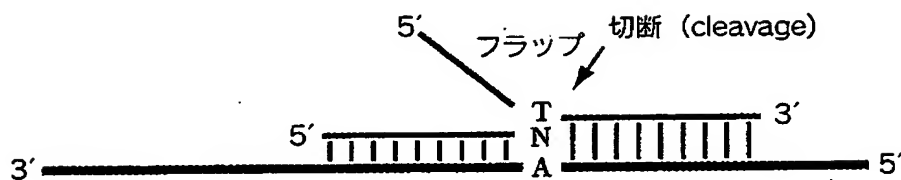


【図 5】

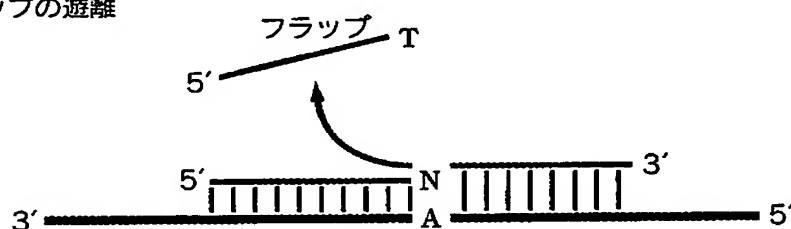


【図 6】

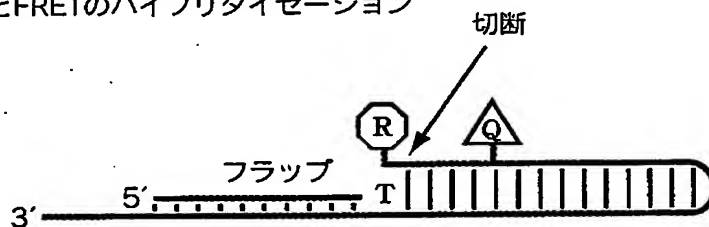
a. cleavageによるアレルプロープの切断



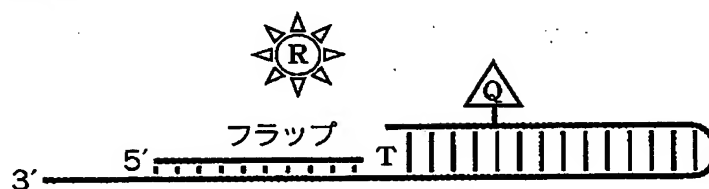
b. フラップの遊離



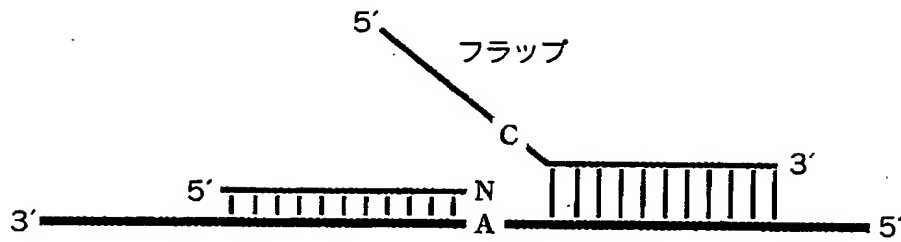
c. フラップとFRETのハイブリダイゼーション



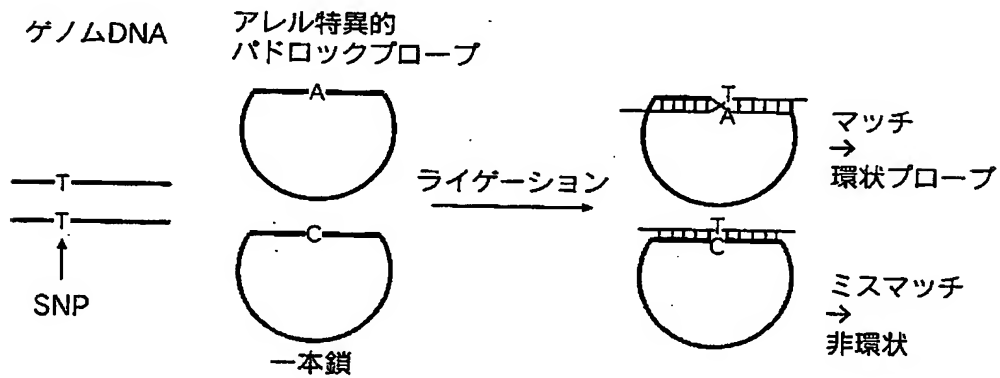
d. 蛍光色素の遊離



【図 7】



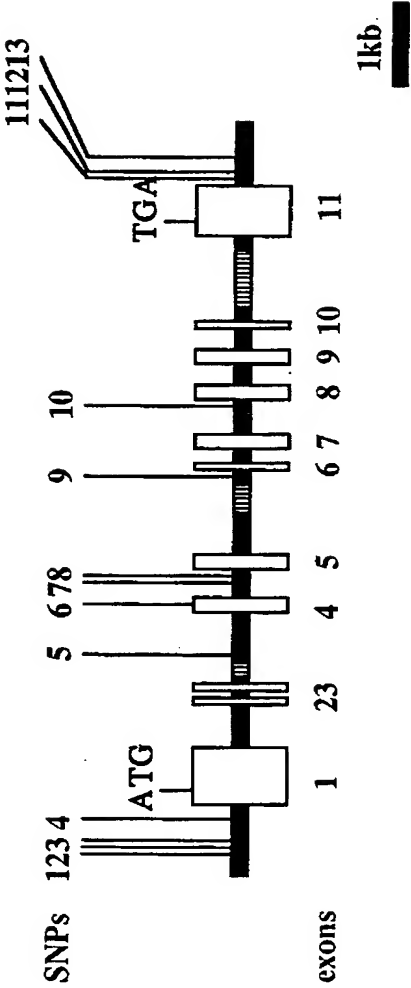
【図 8】



【図 9】

ATP binding cassette, sub-family B, member 2 (ABCB2)

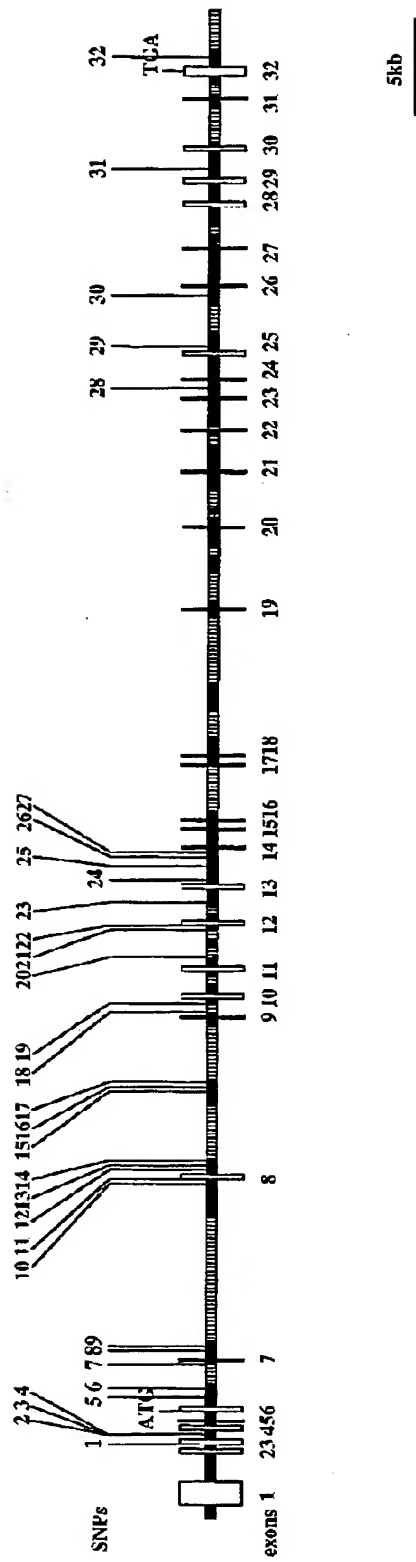
ACCESSION X66401



【図 10】

ATP-binding cassette, sub-family B, member 4 (ABCB4)

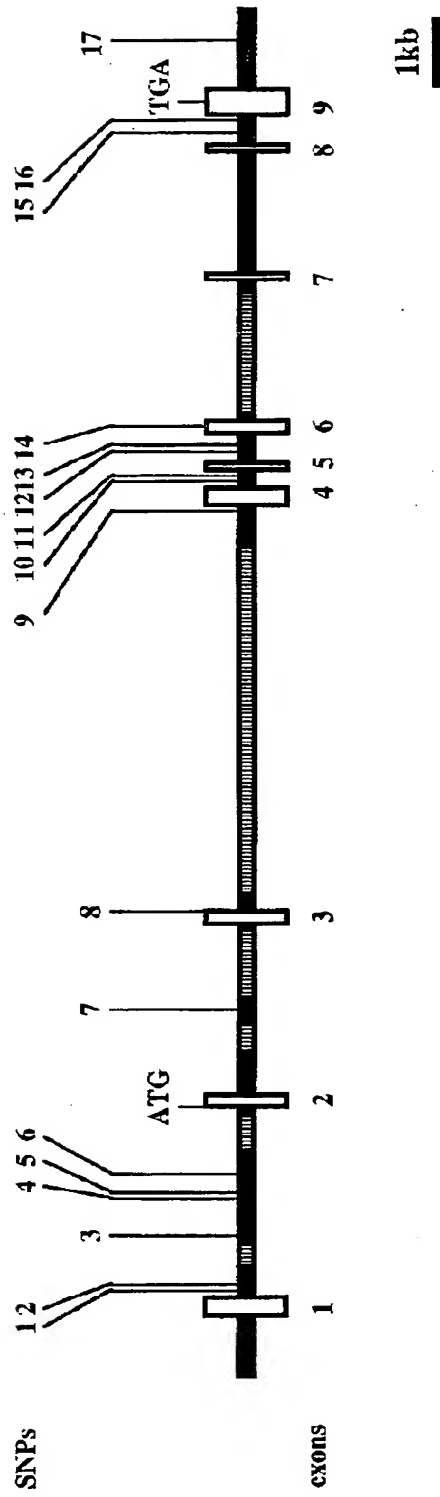
ACCESSION AC079591



【図 11】

Epoxide hydrolase 1, microsomal (EPHX1)

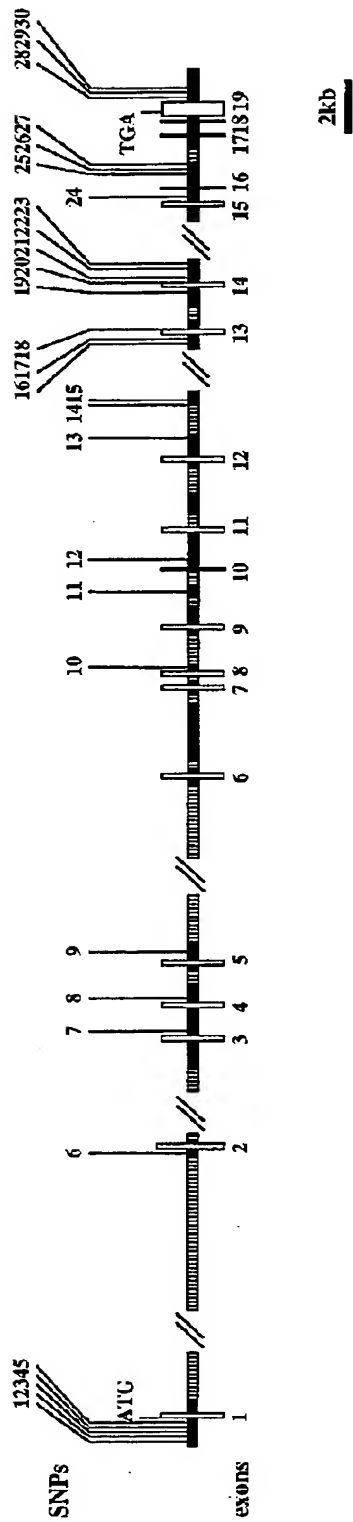
ACCESSION AC058782



【図 12】

Epoxide hydrolase, cytoplasmic (EPHX2)

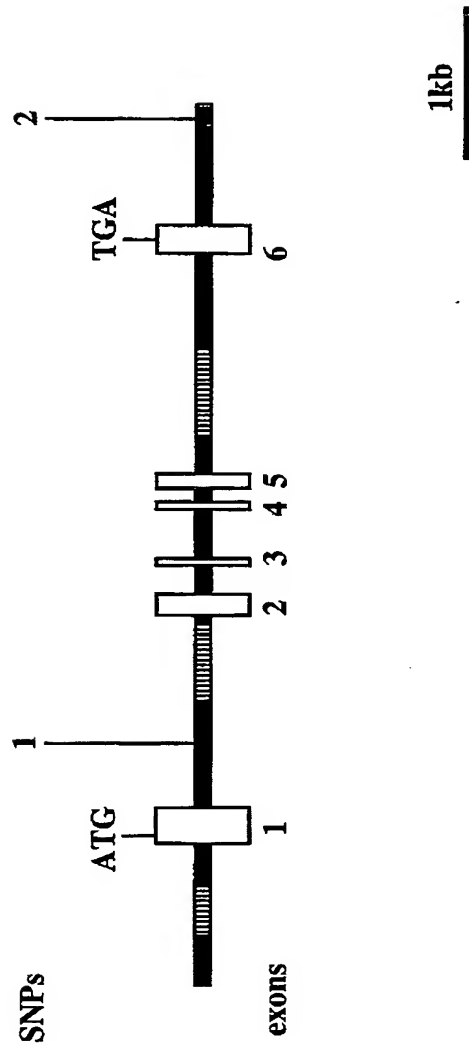
ACCESSION AC010856



【図 13】

Guanidinoacetate N-methyltransferase (GAMT)

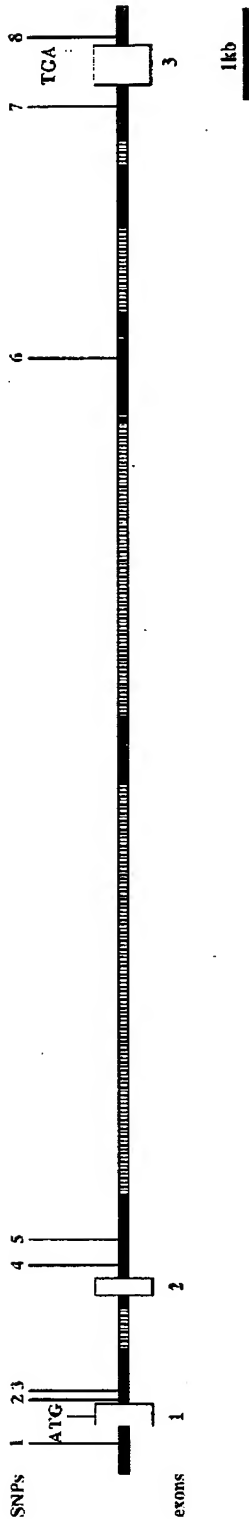
ACCESSION NT_000879



【図 1 4】

Nicotinamide N-methyltransferase (NNMT)

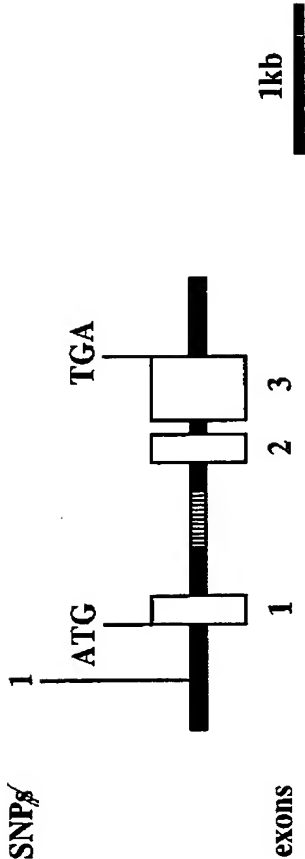
ACCESSION AC019290



【図 1 5】

Phenylethanolamine N-methyltransferase (PNMT)

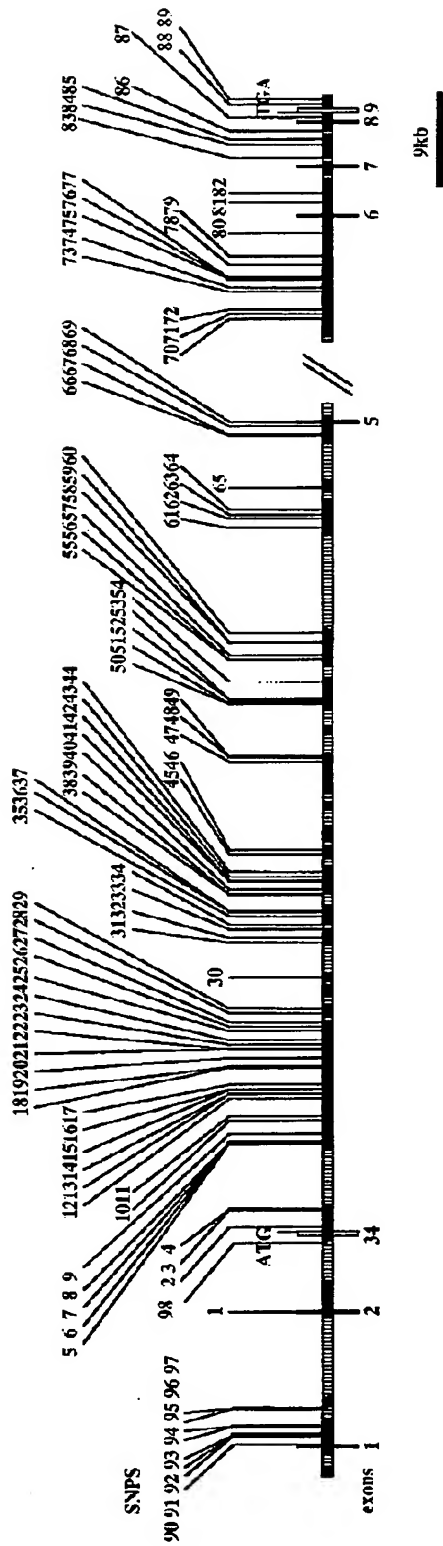
ACCESSION AC040933



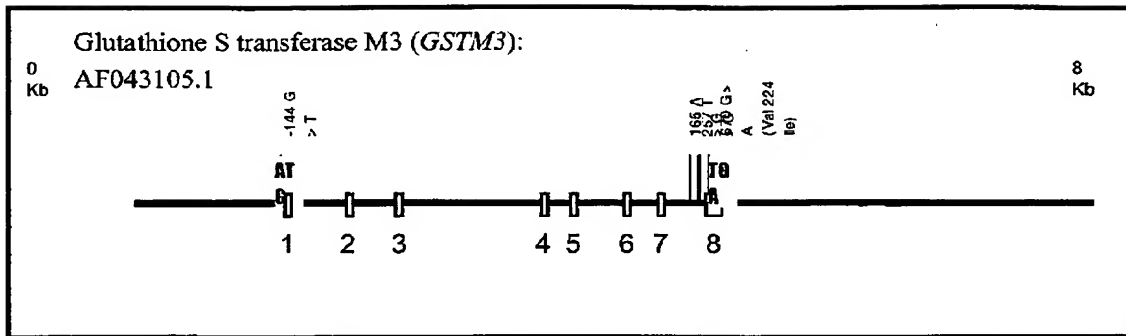
【図 16】

Phosphatidylethanolamine N-methyltransferase (PEMT)

ACCESSION AC020558



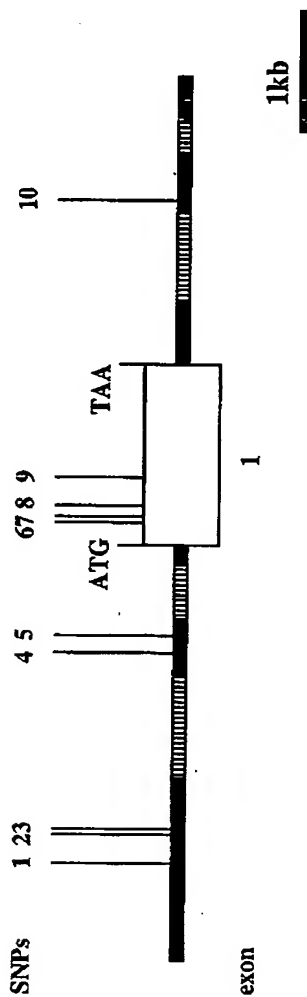
【図 17】



【図 18】

Aldehyde dehydrogenase 5 (ALDH5)

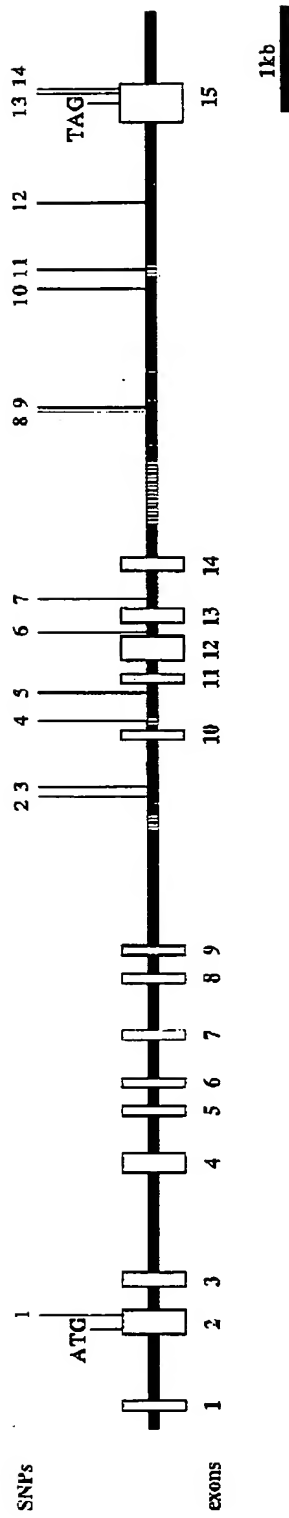
ACCESSION AL135785



【図 19】

Transglutaminase 1 (TGM1)

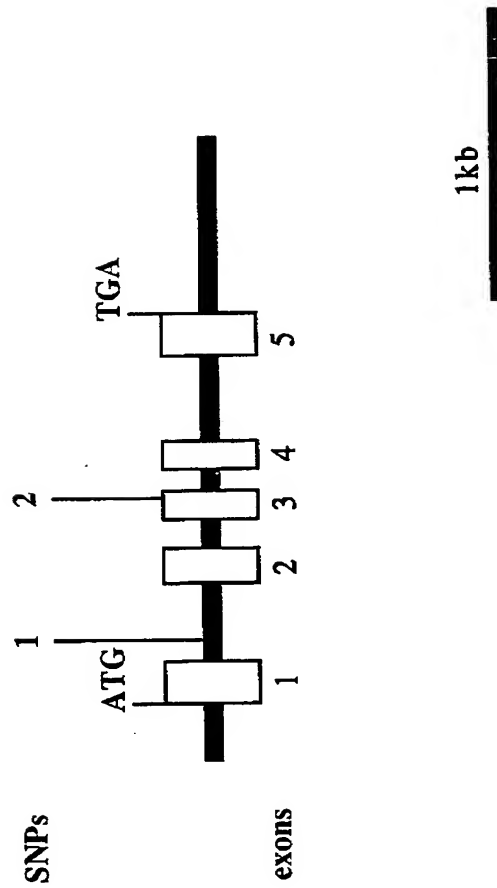
ACCESSION M98447



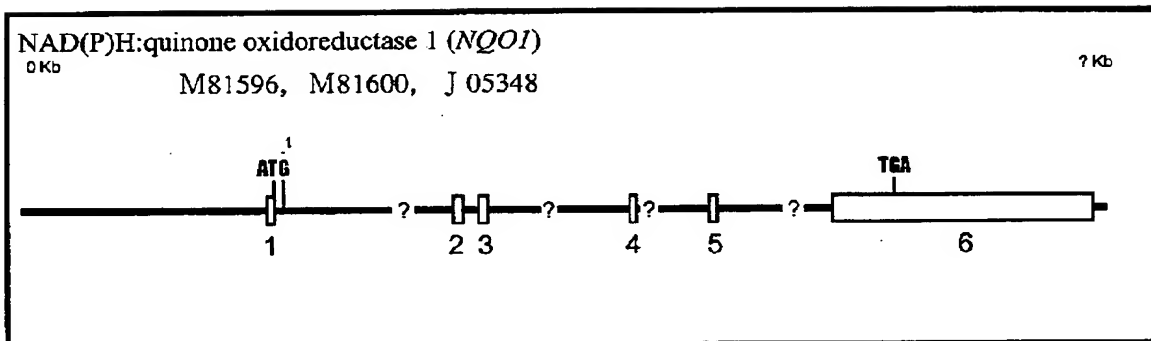
【図 20】

Gamma-glutamyltransferase 1 (GGT1)

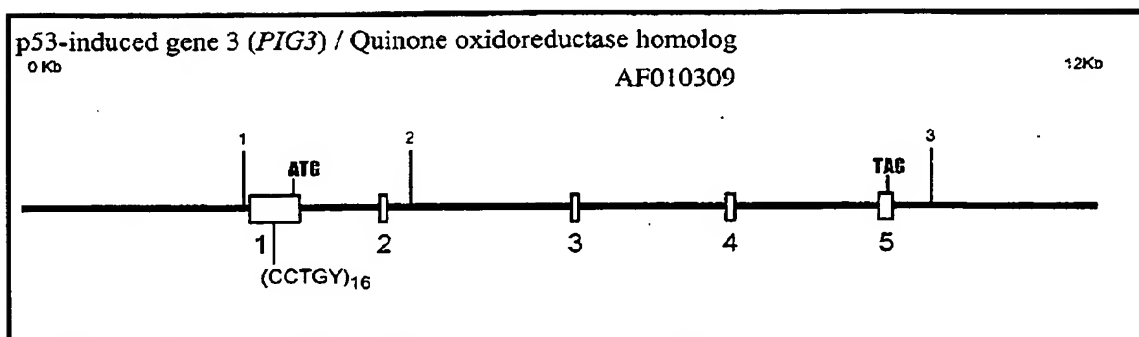
ACCESSION D87002



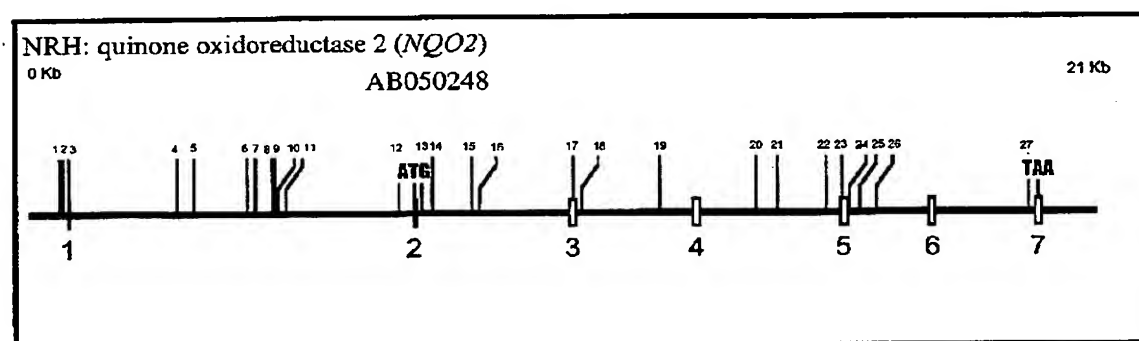
【図 21】



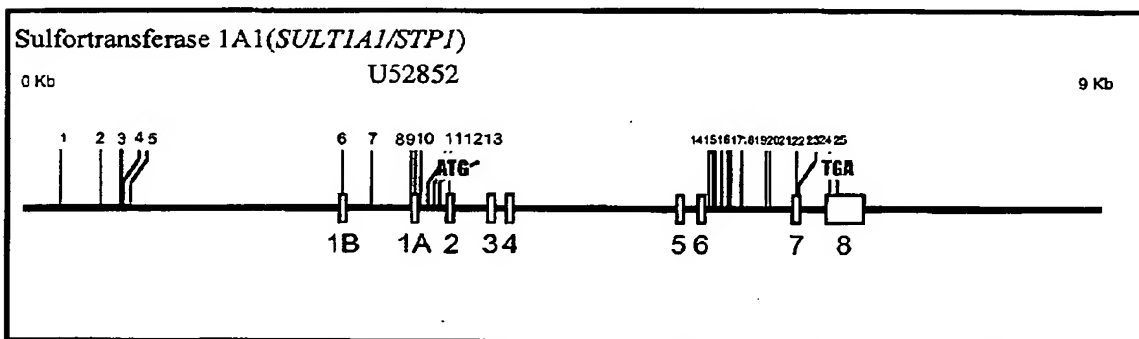
【図 2 2】



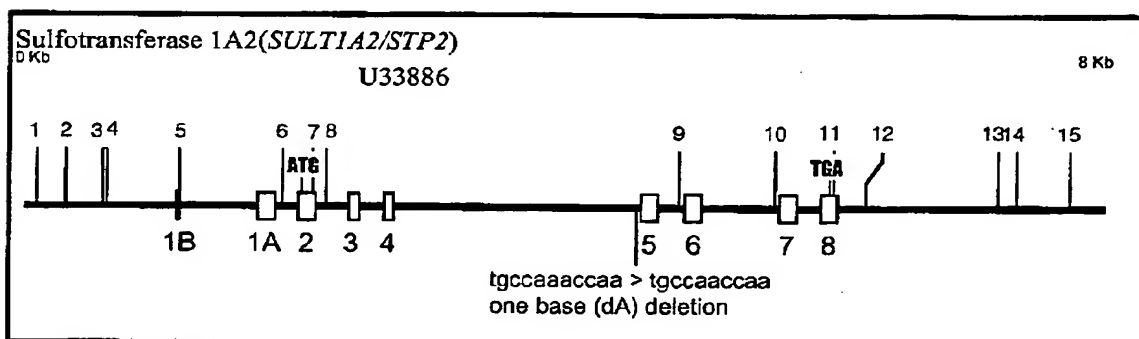
【図 2 3】



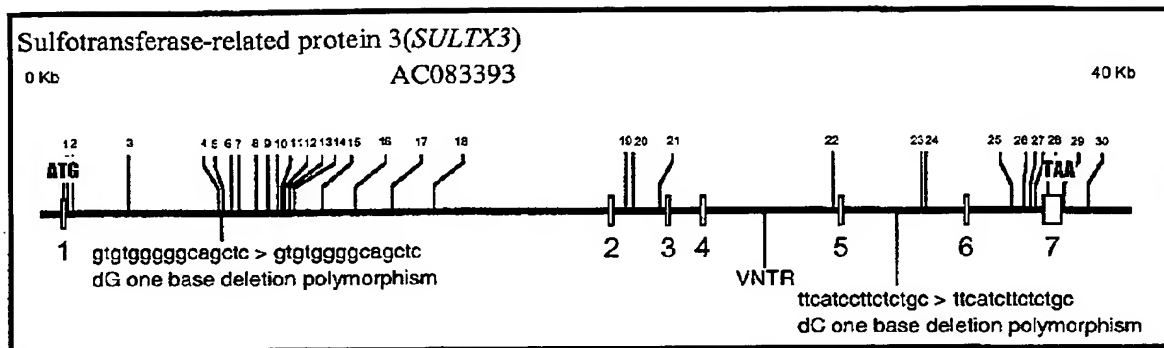
【図 2 4】



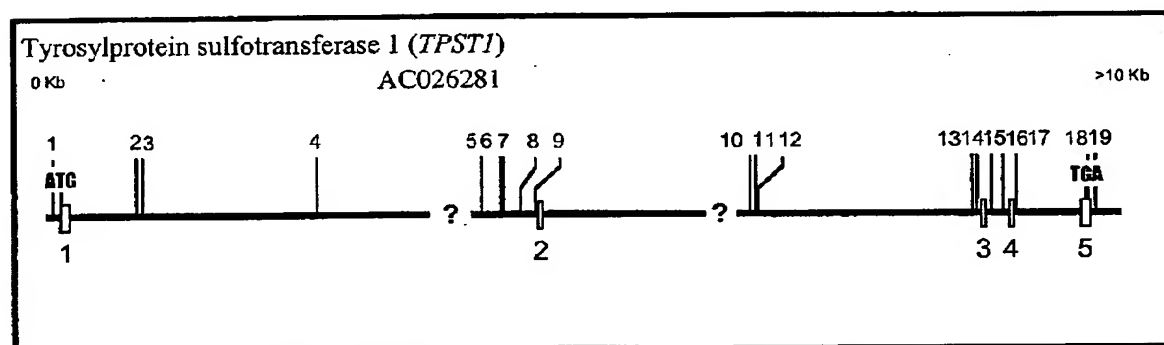
【図 2 5】



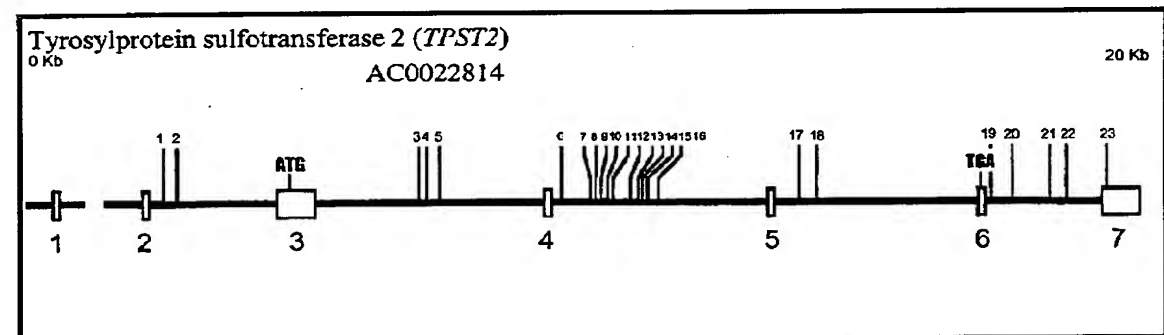
【図 26】



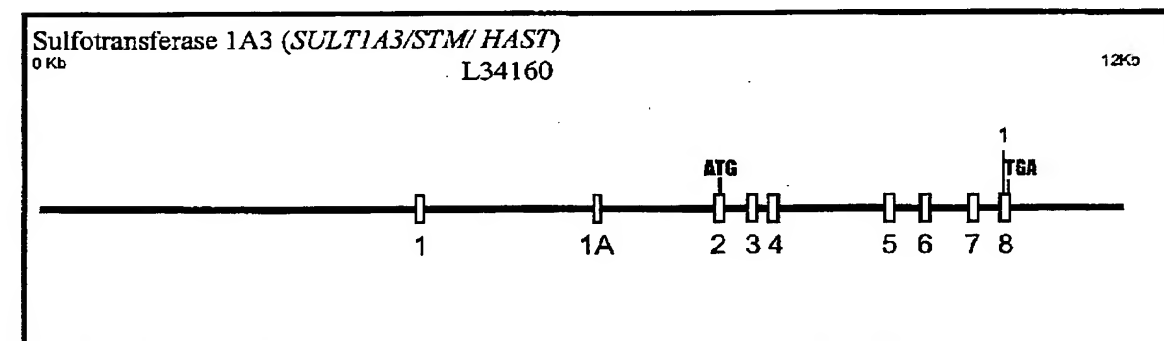
【図 27】



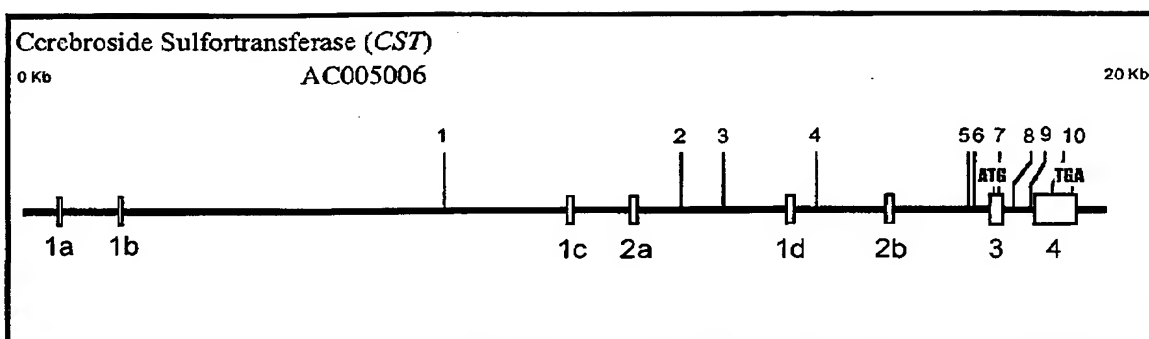
【図 28】



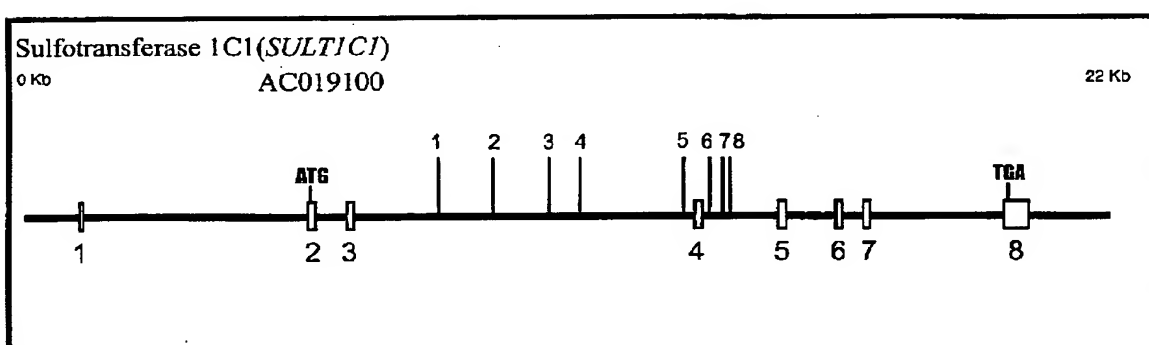
【図 29】



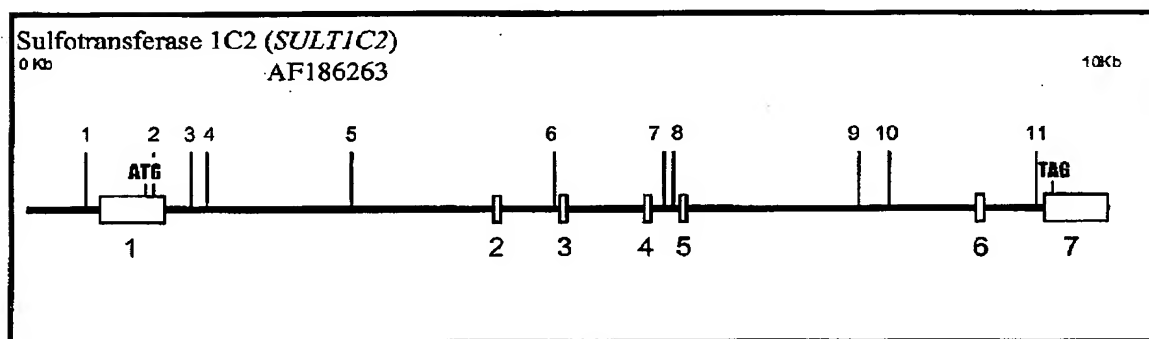
【図 30】



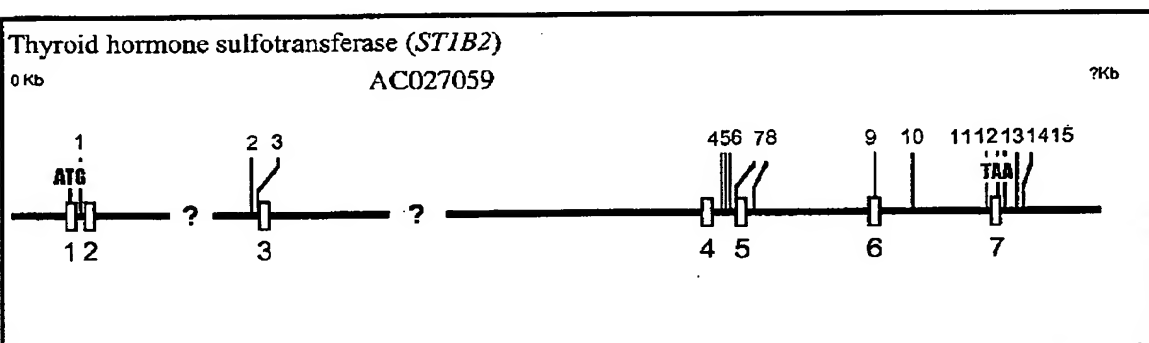
【図 31】



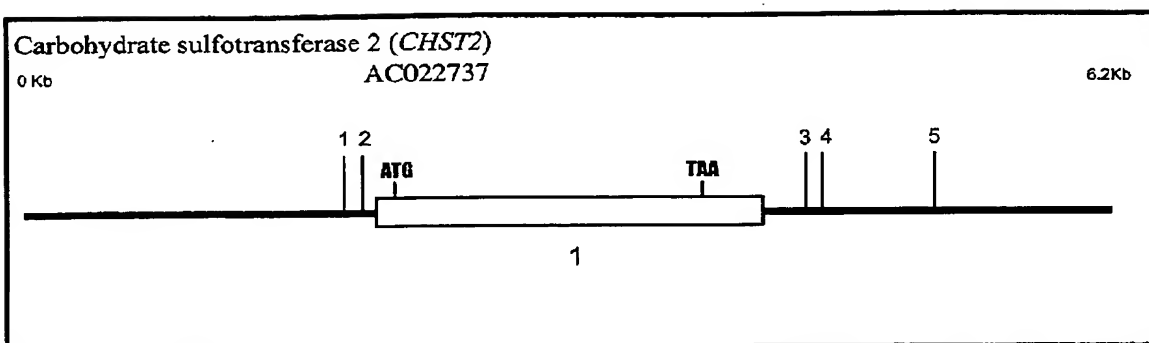
【図 32】



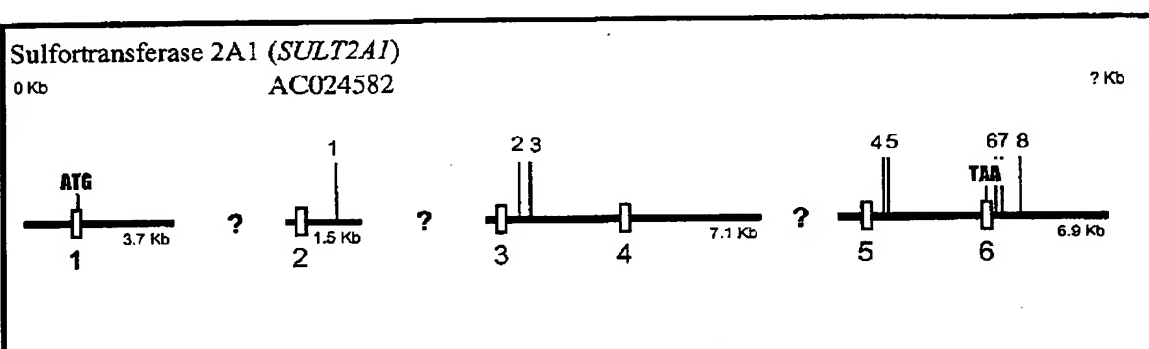
【図 33】



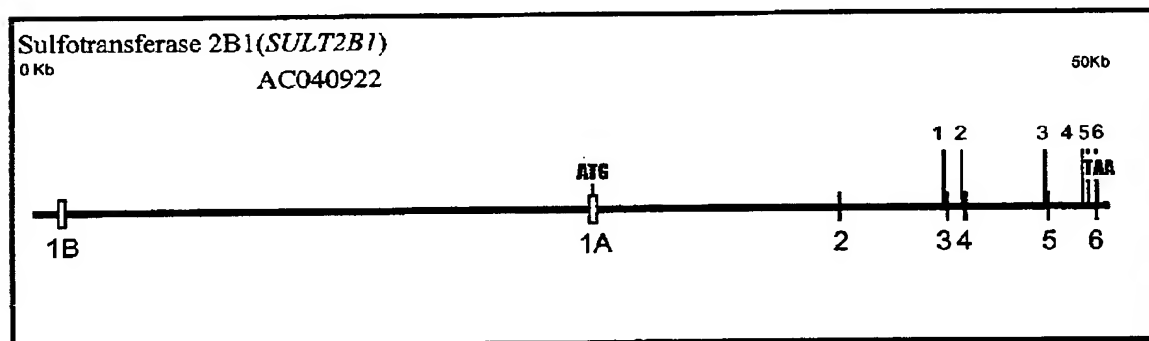
【図 3 4】



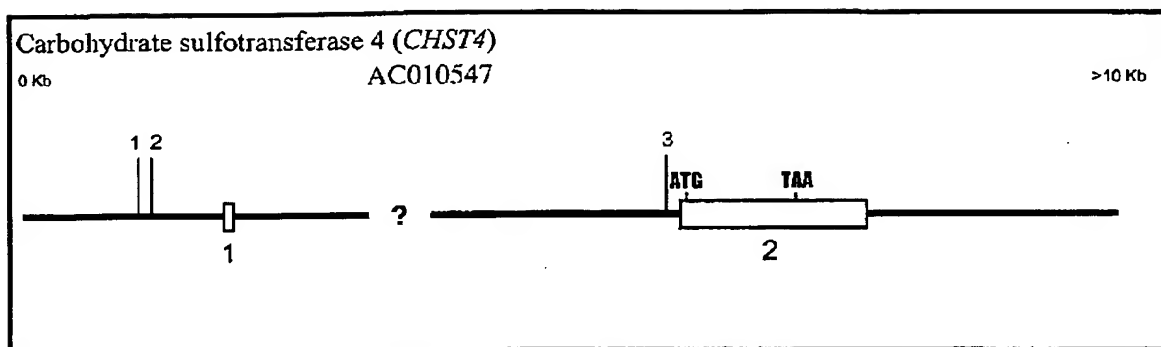
【図 3 5】



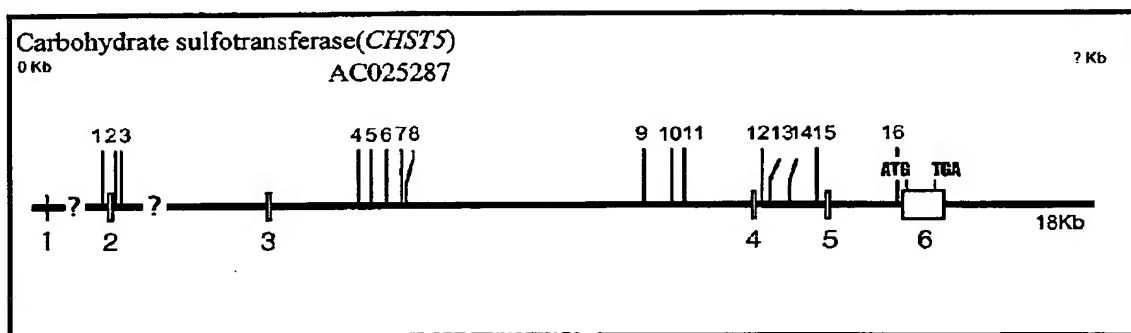
【図 3 6】



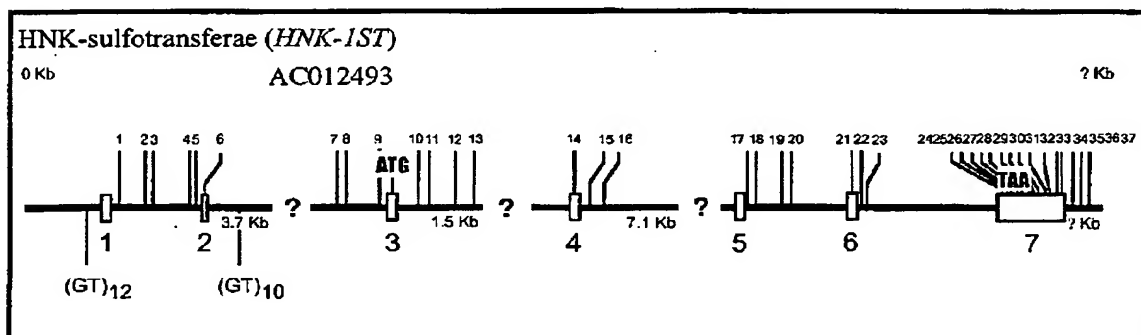
【図 3 7】



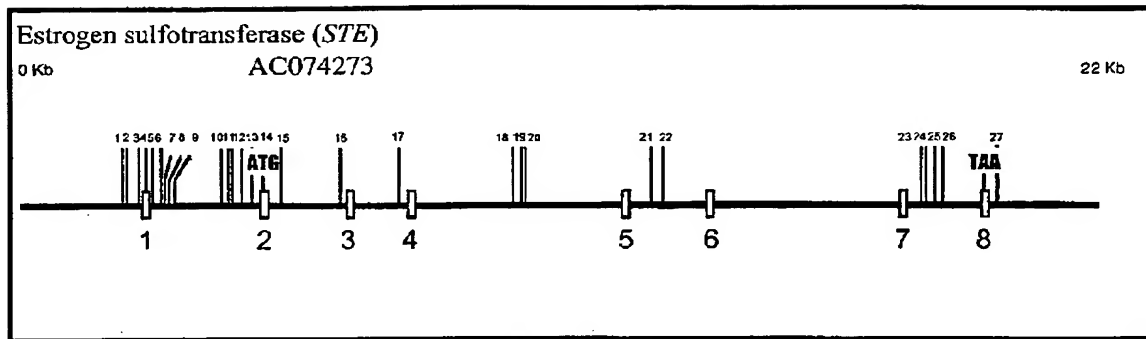
【図 3 8】



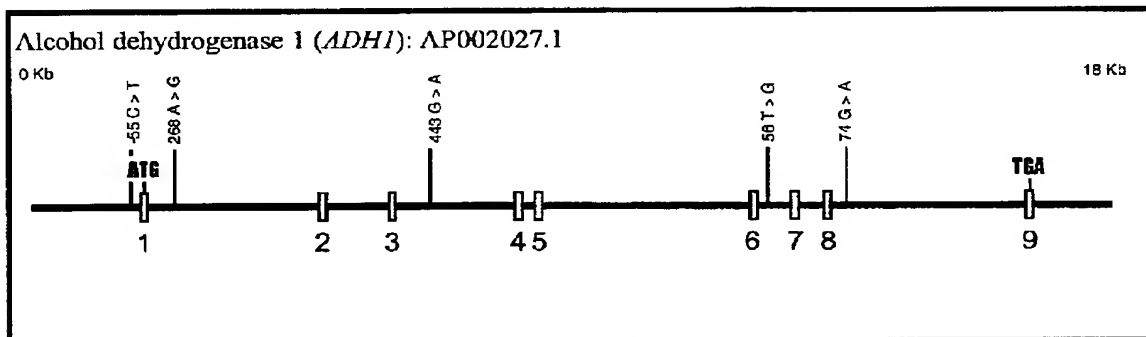
【図 3 9】



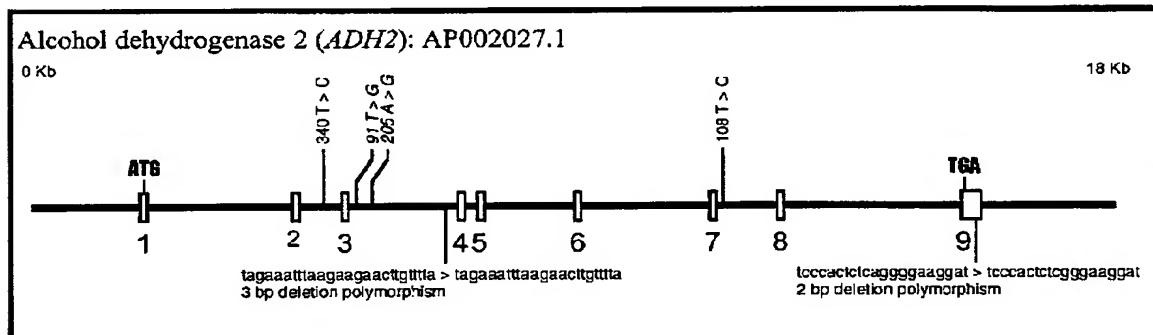
【図 40】



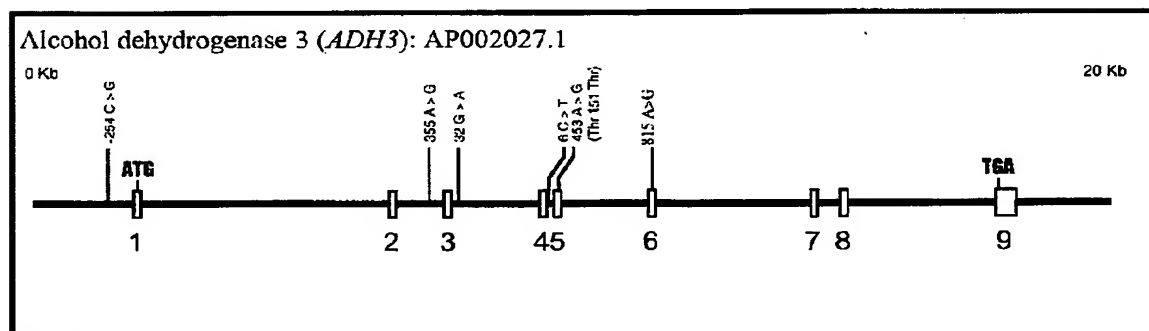
【図 41】



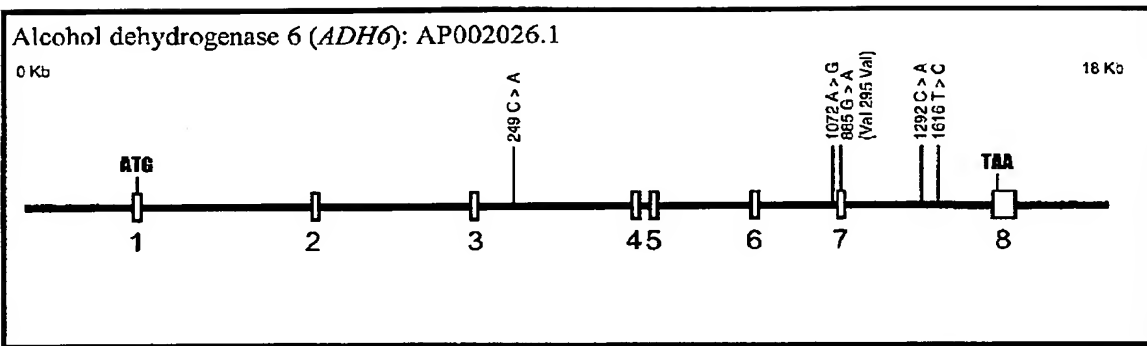
【図 42】



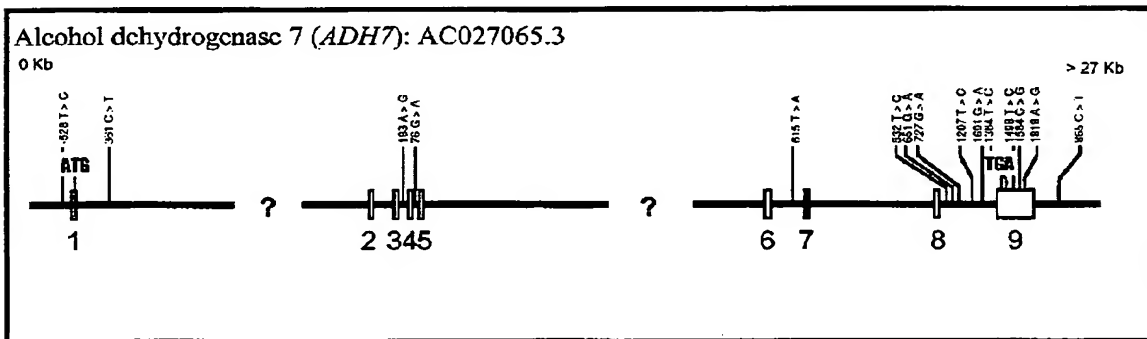
【図 43】



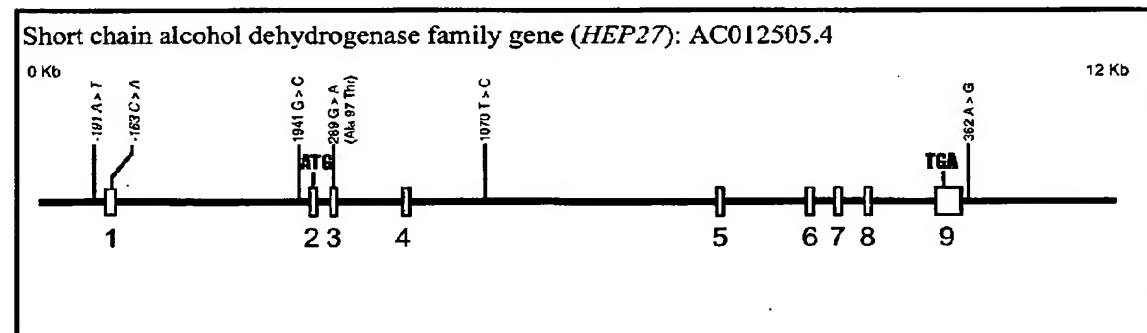
【図 4 4】



【図 4 5】



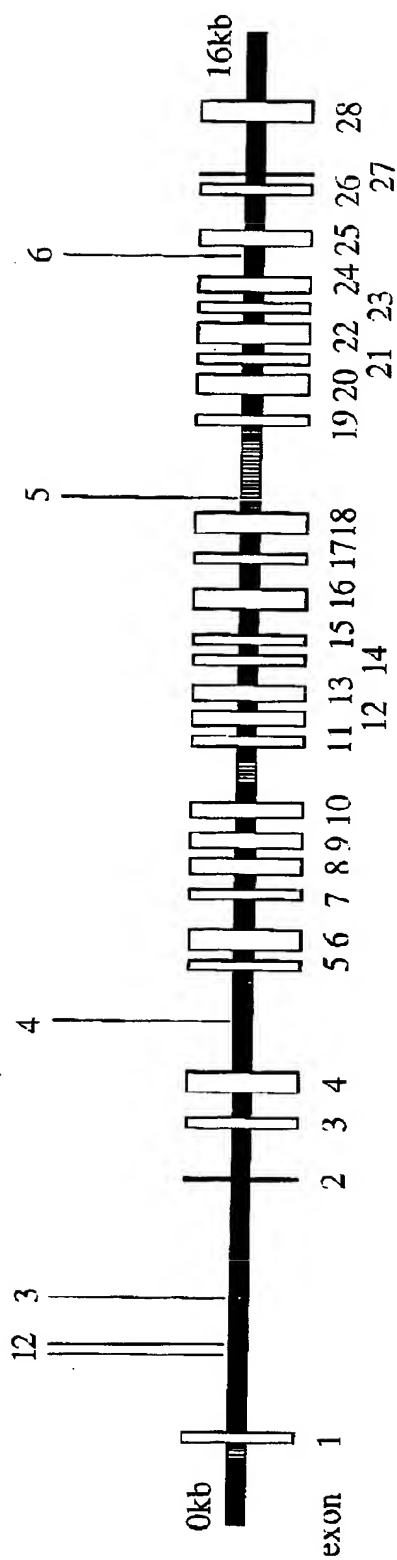
【図 4 6】



【図 4 7】

L1 cell adhesion molecule (L1CAM)

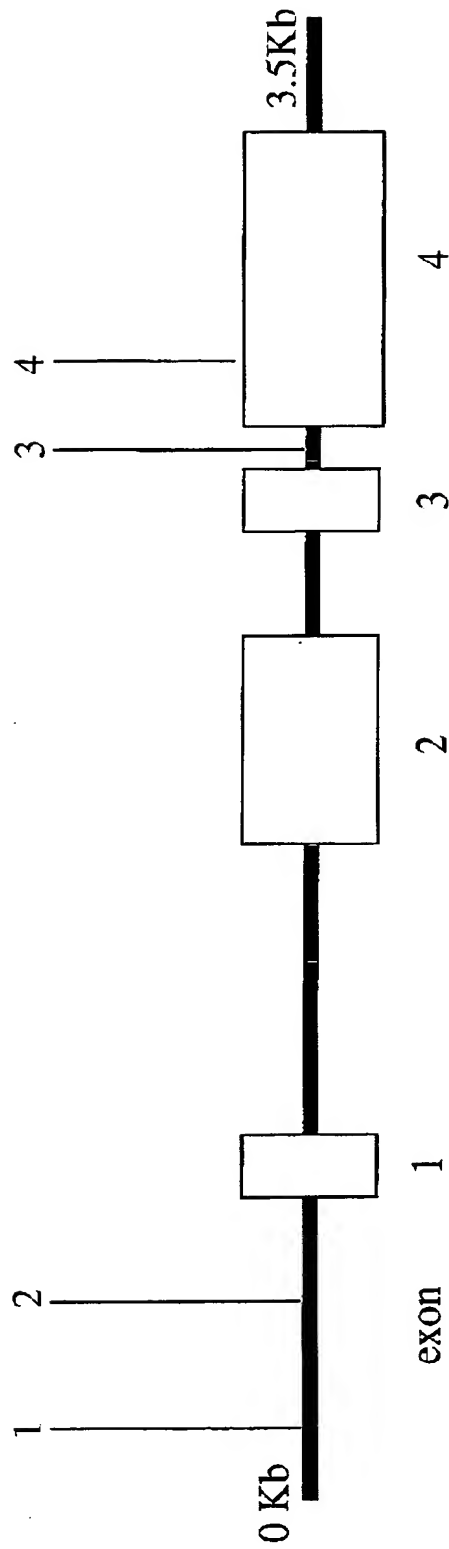
Accession No. U52112



【図 48】

arylalkylamine N-acetyltransferase(AANAT)

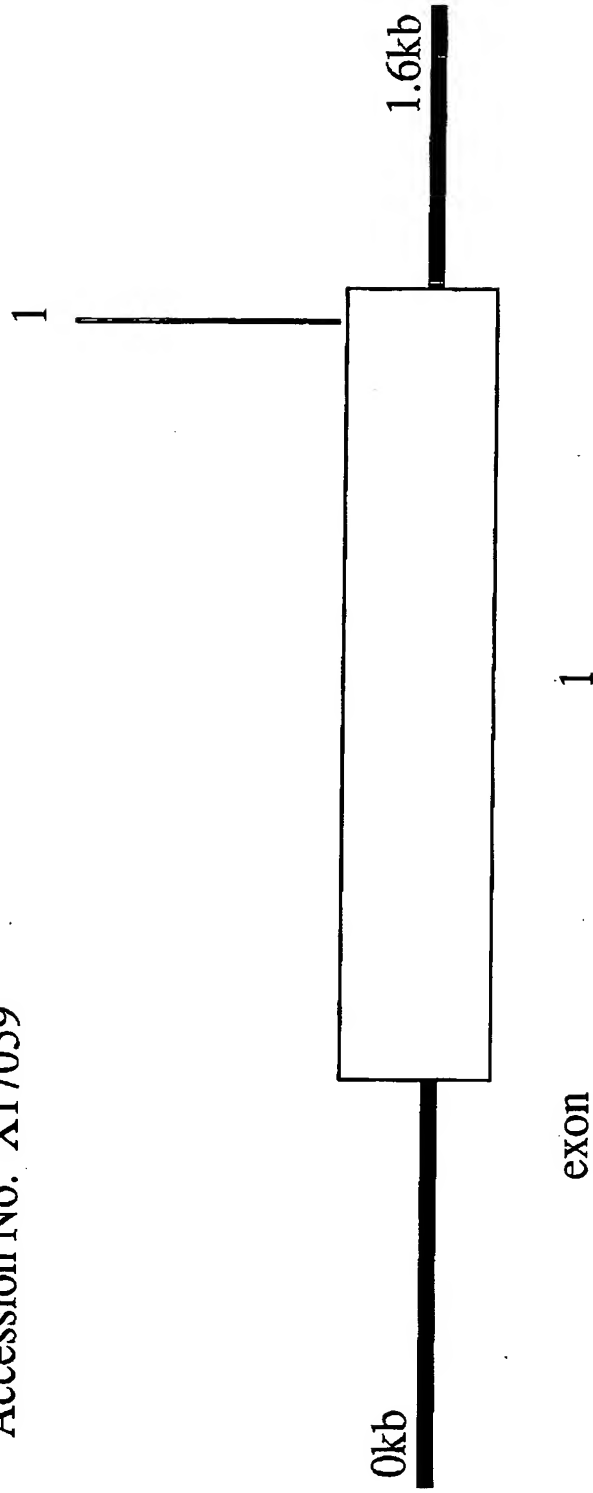
Accession No. U40391



【図 5 0】

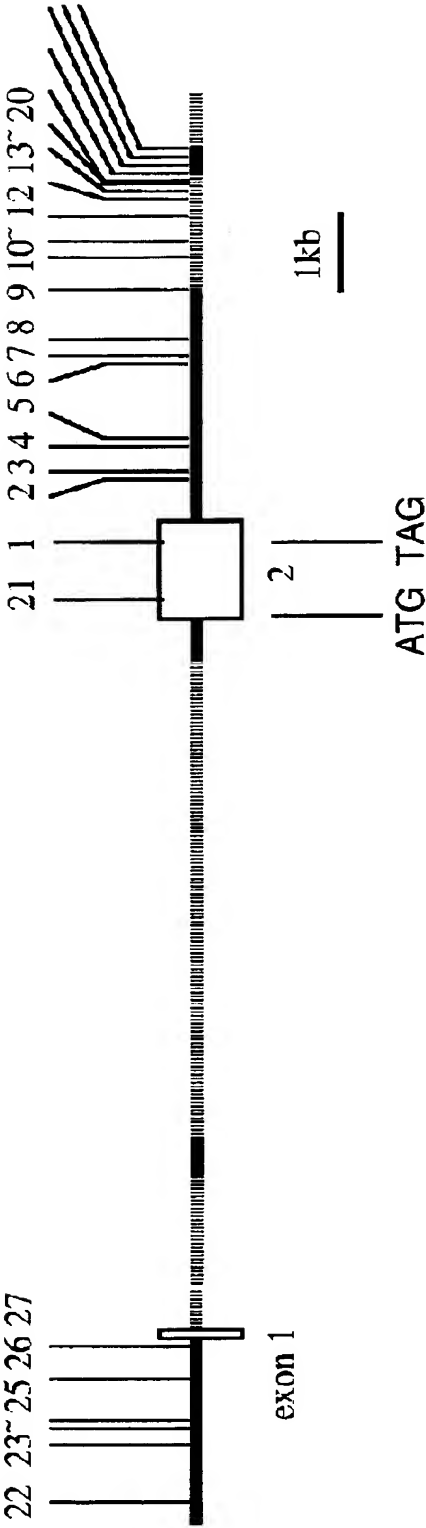
N-acetyltransferase (NAT1)

Accession No. X17059



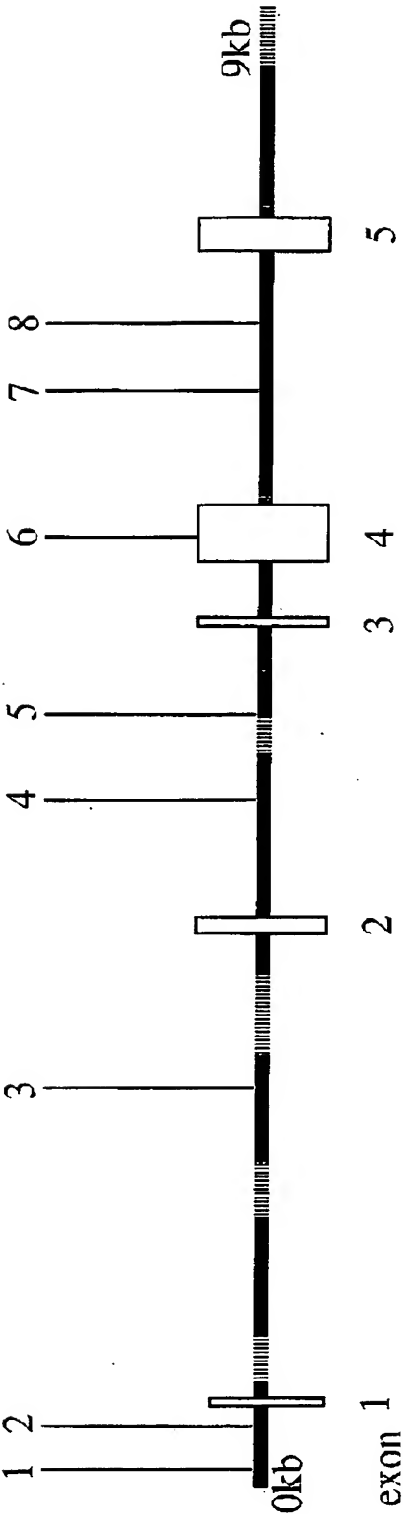
【図 51】

arylamine N-acetyltransferase (NAT2) Accession No.: I22255, AC025062, AC025648, D10870



【図 5 2】

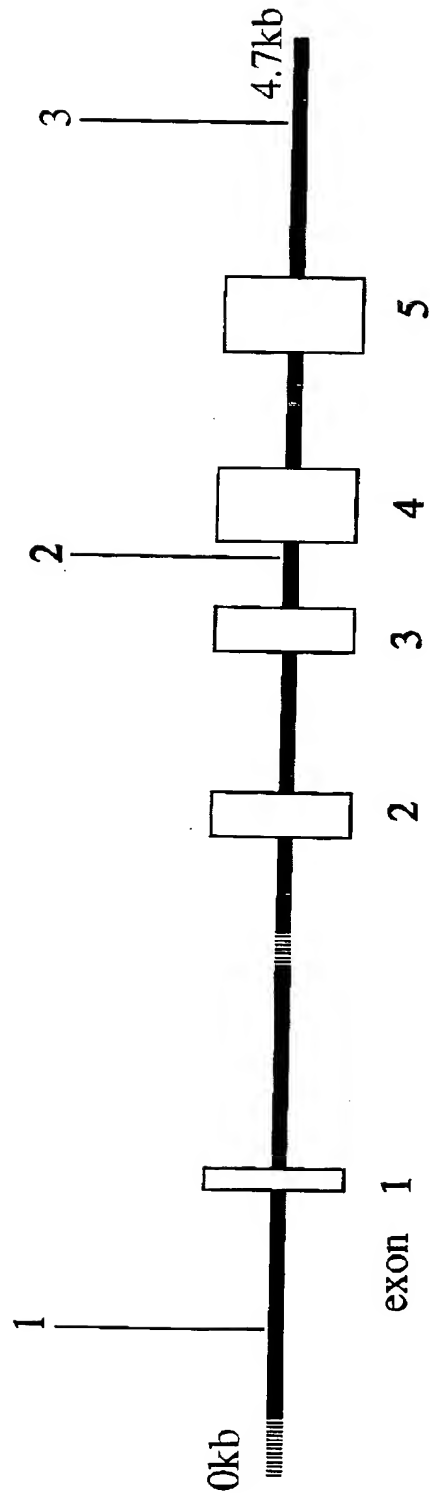
Granzyme A(GZMA)
Accession No. AC025790



【図 53】

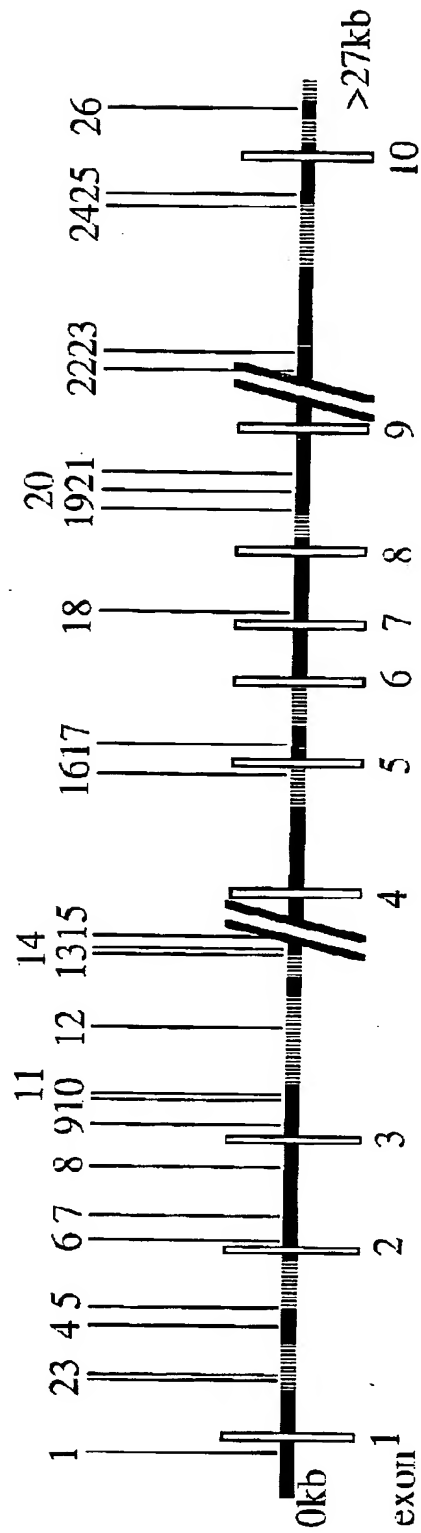
Granzyme B (GZMB)

Accession No. M72150



【図 54】

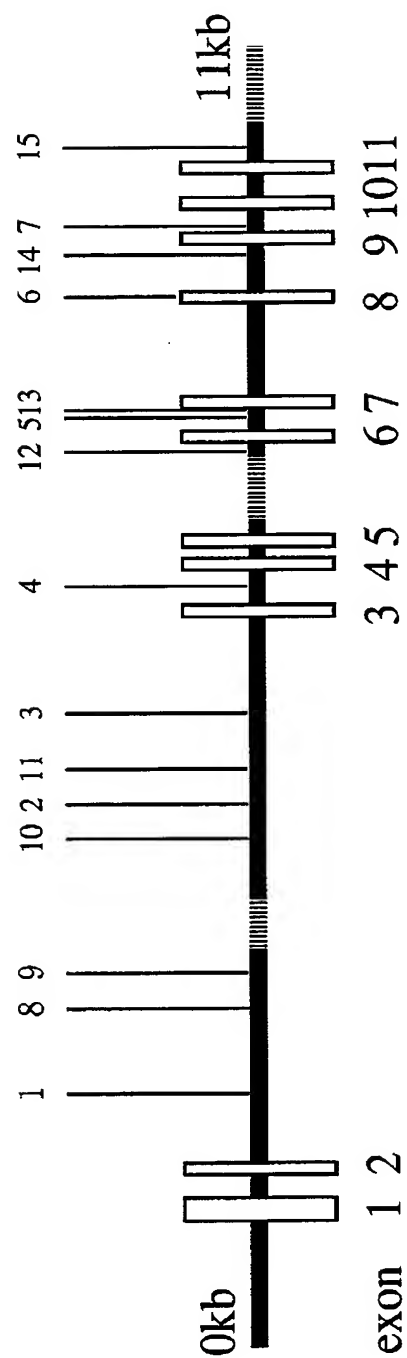
esterase D/formylglutathione hydrolase (ESD)
Accession No. AC136958



【図 55】

dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase (DDOST)

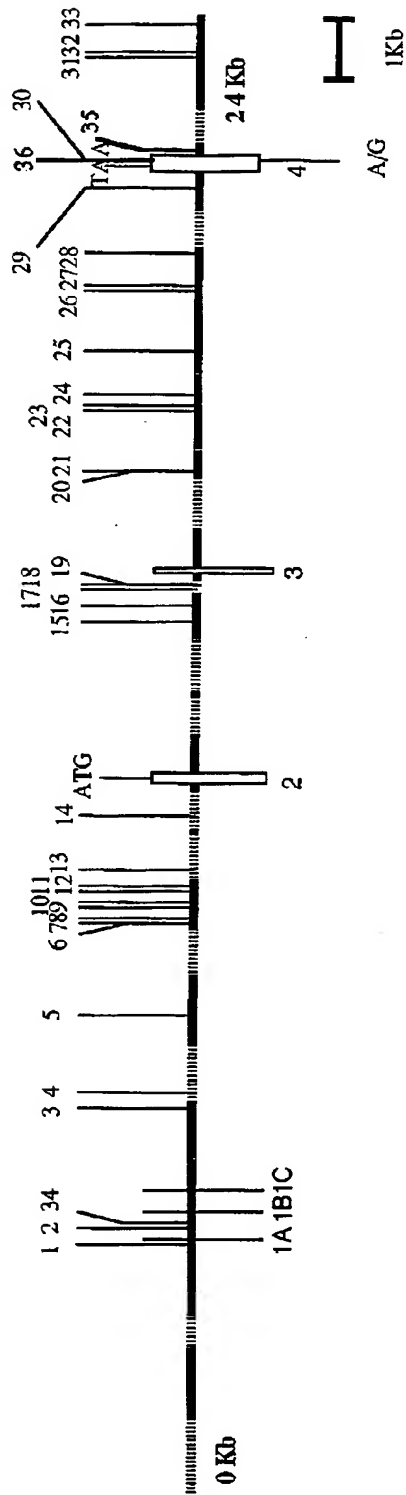
Accession No. D89060



【図 56】

microsomal glutathione s-transferase (MGST1)

Accession No. AC007528



Alcohol dehydrogenase 5 (*ADH5*): AC019131.4

0 Kb

> 20 Kb

-115 G>A
-114 G>A

ATG

1 2 3 4 5 6 7 8 9

TAA

The diagram illustrates the structure of the Alcohol dehydrogenase 5 (*ADH5*) gene, accession AC019131.4. It shows a linear sequence of nine exons, numbered 1 to 9, separated by introns. Exons are represented by boxes, and introns by lines with question marks. The start codon (ATG) is located at the beginning of exon 1, and the stop codon (TAA) is at the end of exon 9. Two mutations are indicated: -115 G>A and -114 G>A. The scale bar shows 0 Kb to > 20 Kb.

Glutathione S transferase M1 (*GSTM1*): AC000032.7

0 Kb

10 Kb

Diagram illustrating the structure of the Glutathione S transferase M1 (*GSTM1*) gene, showing exons 1 through 8 and the location of various mutations. The gene is represented by a horizontal line with boxes indicating exons. Mutations are marked with vertical lines and labels: -684 G>T, -681 C>T, -680 G>A, -678 G>A, -637 G>C, -636 G>A, -635 G>A, -593 G>T, -592 G>A, -578 G>A, -343 G>A, 118 T>C, 263 T>C, 28 G>A, 140 C>T, 577 A>G, 645 T>A, 519 G>C (Asn 173 Lys), 538 C>T (Asp 176 Asp), and 2421 A>G. The gene ends with a TAG stop codon. A scale bar indicates 0 Kb to 10 Kb.

Glutathione S transferase M2 (*GSTM2*): AC000031.5

0 Kb

11 Kb

70 G>Q
48 C>T

ATG

70 G>C
22 A>C

100 C>A
341 T>C
698 C>T
723 A>G

TAG

1006 G>A
139 G>T

1 2 3 4 5 6 7 8

0 Kb 11 Kb

Glutathione S transferase M4 (*GSTM4*): M96233.1

0 Kb 20 Kb

ATG

1 2 3 4 5 6 7 8

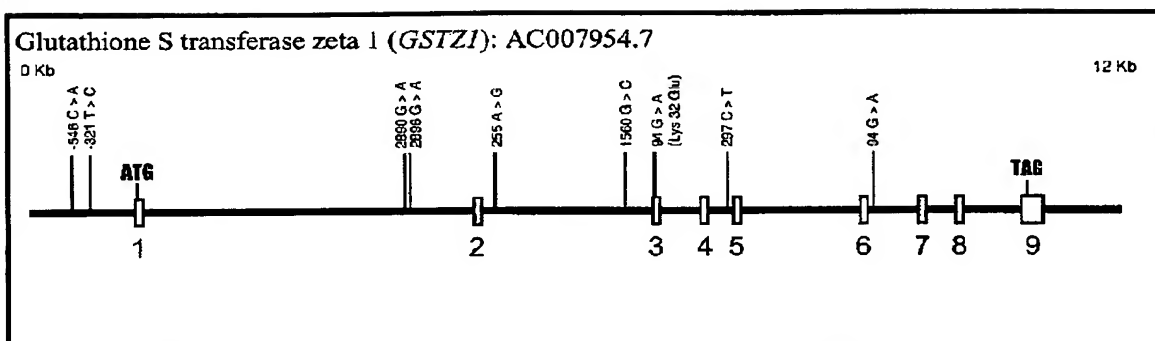
TAA

GT > C

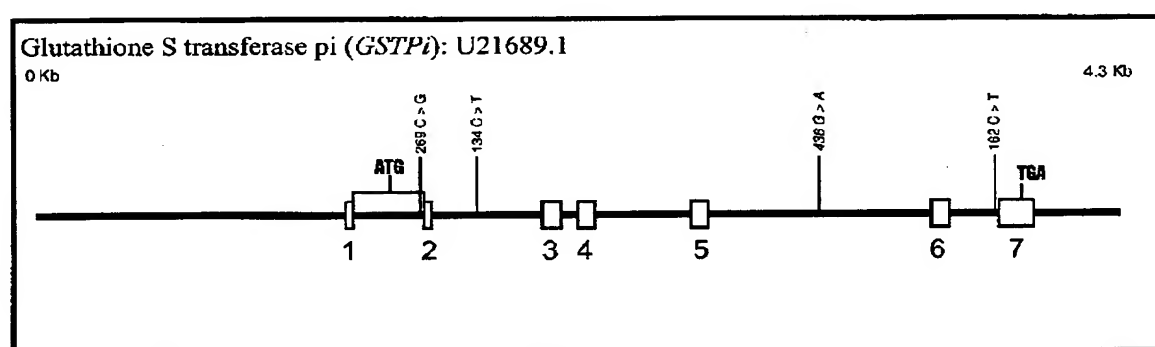
TT > G

GG > A

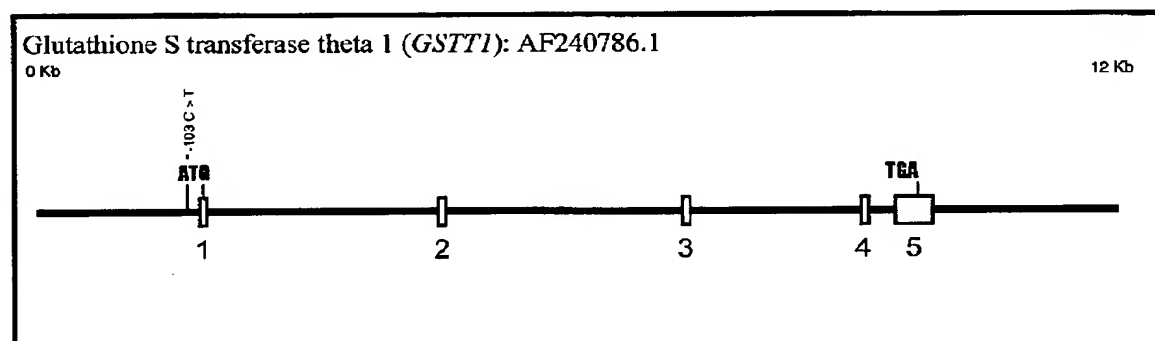
【図 6 1】



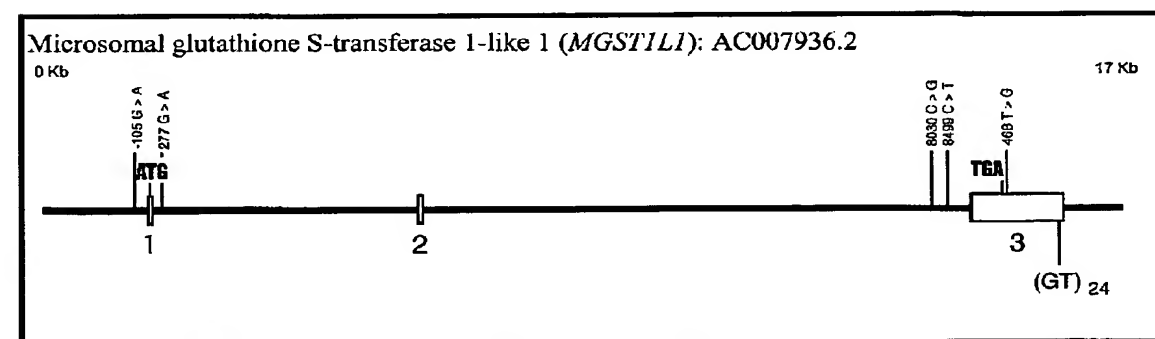
【図 6 2】



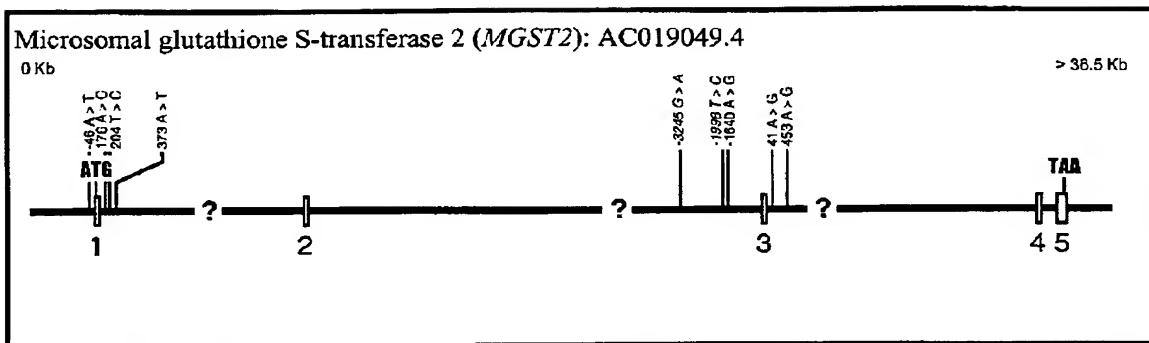
【図 6 3】



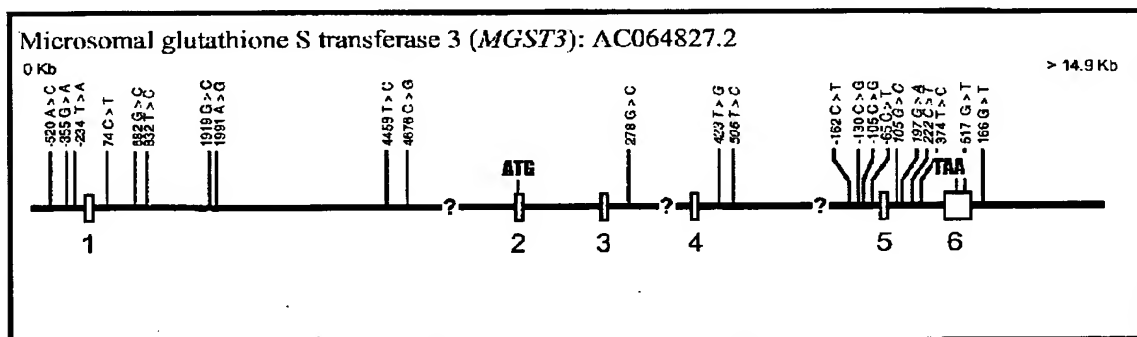
【図 6 4】



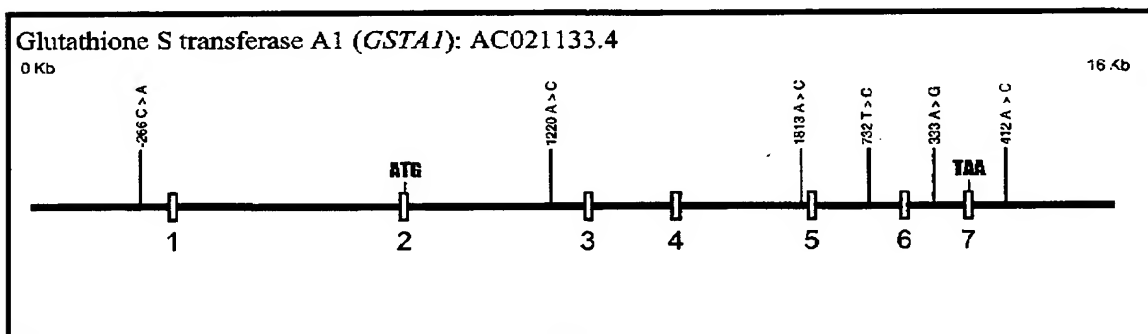
【図 6 5】



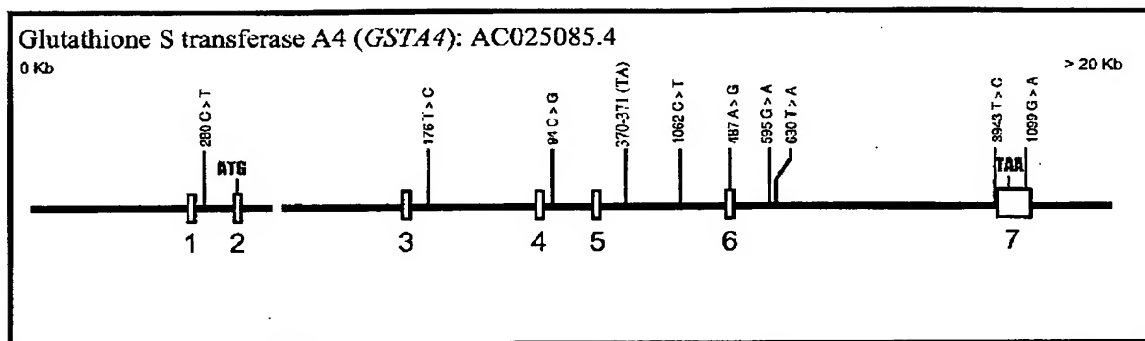
【図 6 6】



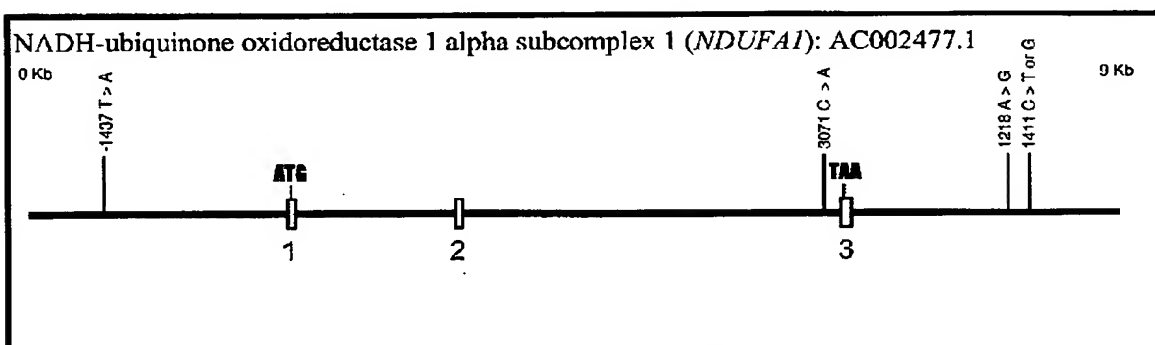
【図 6 7】



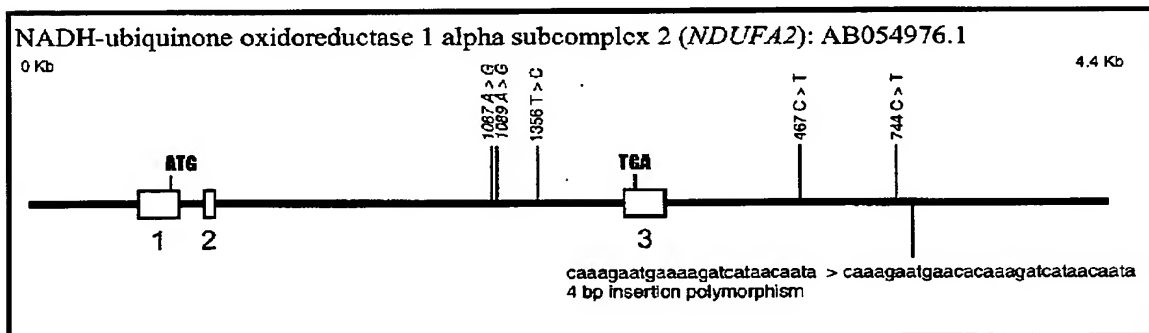
【図 6 8】



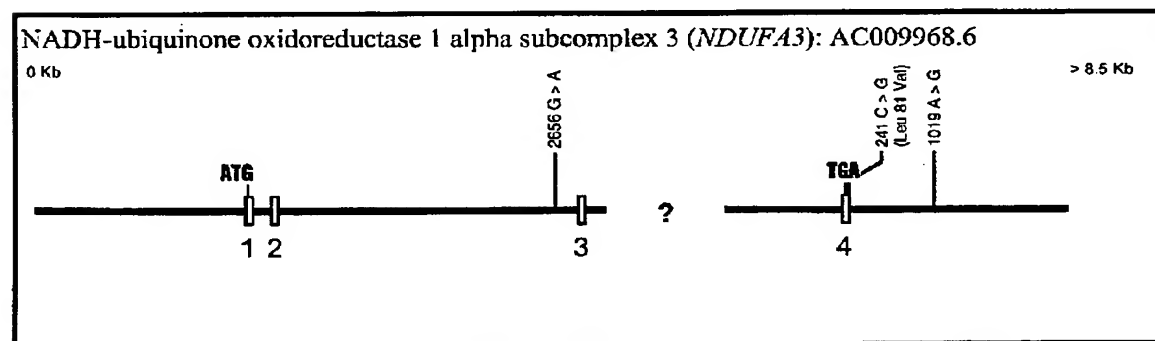
【図 6 9】



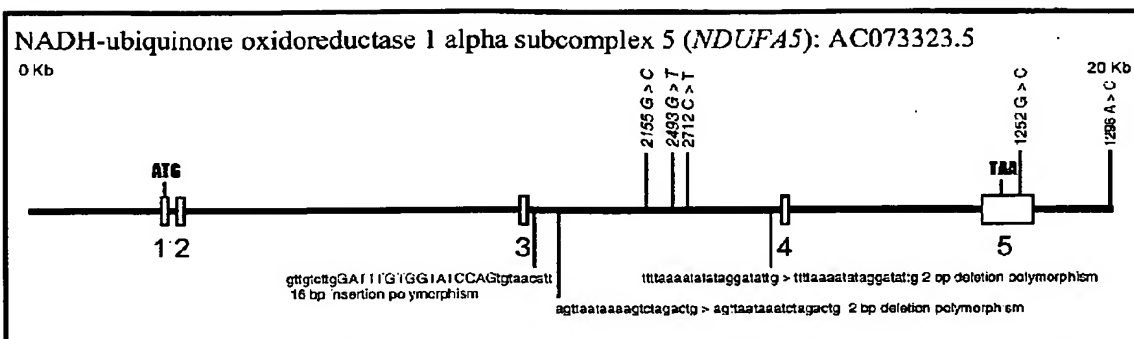
【図 7 0】



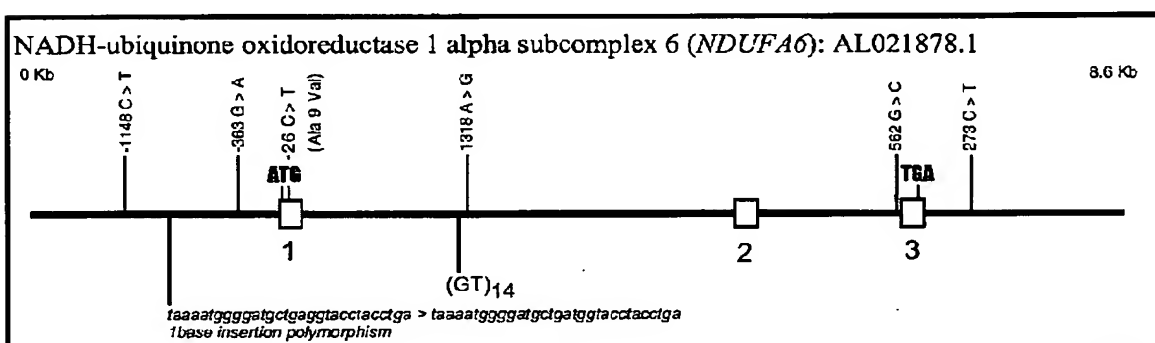
【図 7 1】



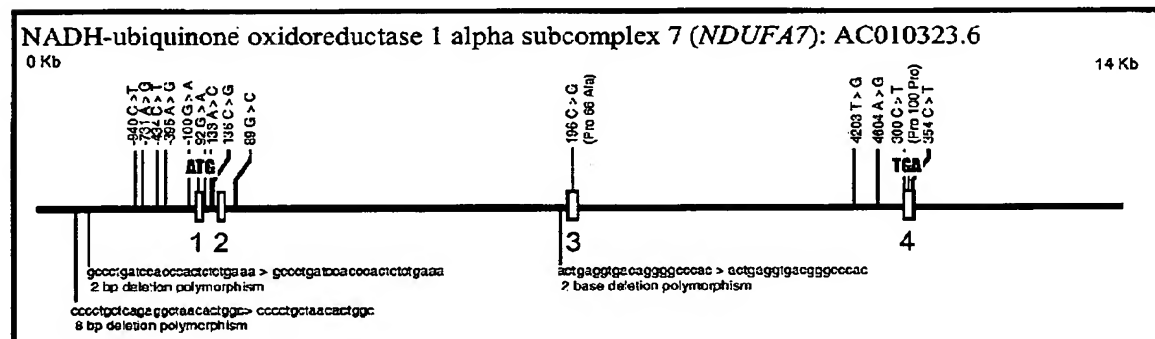
【图 7 2】



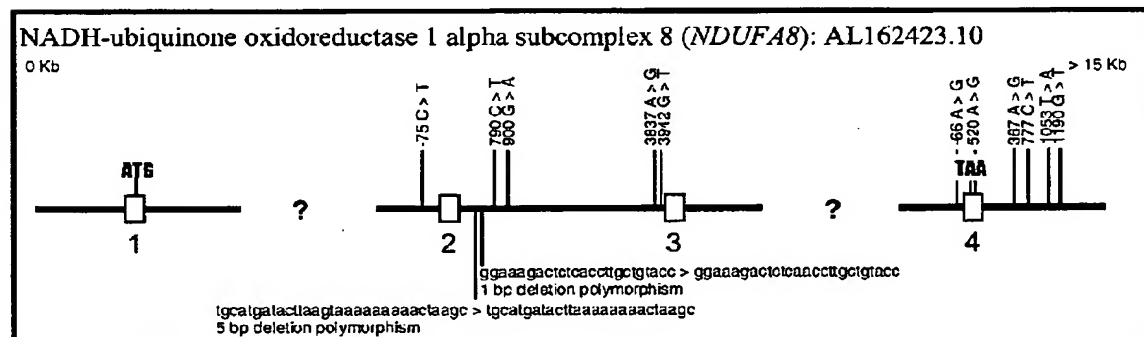
【图 7 3】



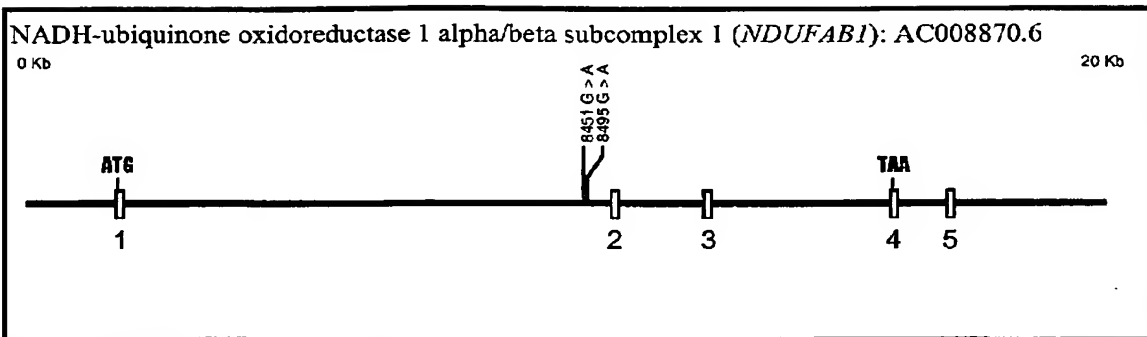
【图 7 4】



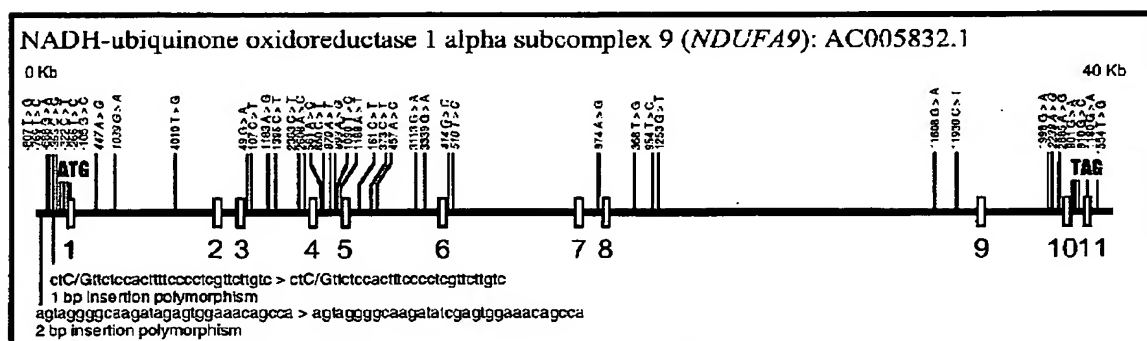
【圖 7 5】



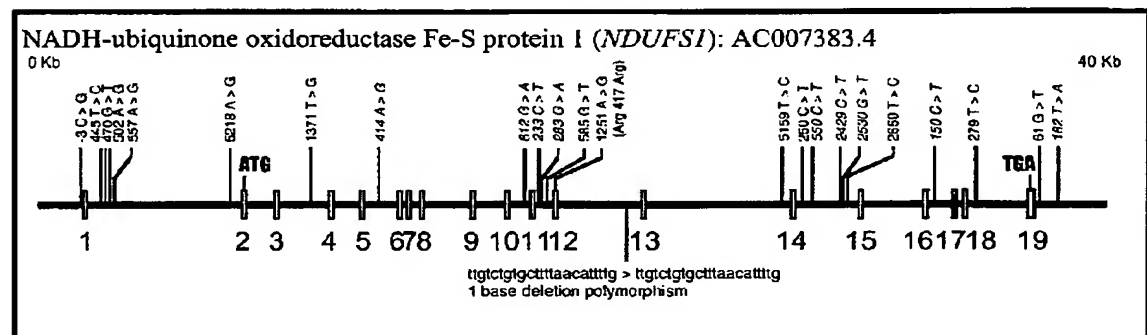
【図 7 6】



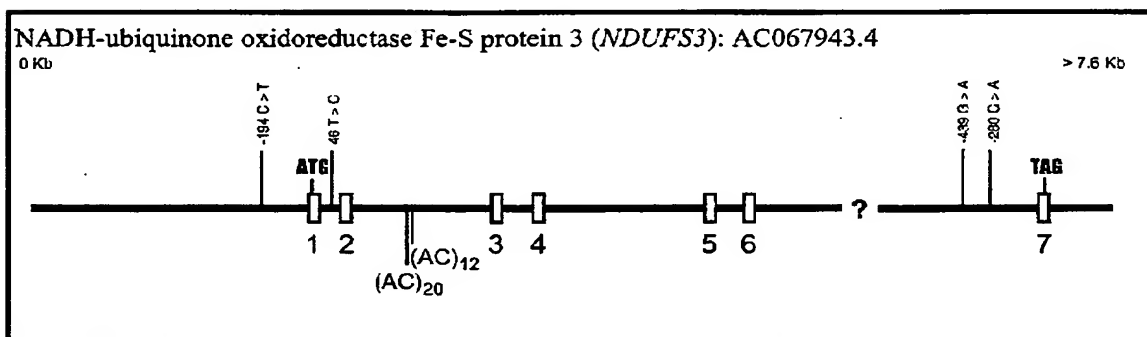
【図 7 7】



【圖 7 8】



【図 7 9】



NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 4 (*NDUFS4*): AC024569.3
 0 Kb ~ 41 Kb

Polymorphisms shown above the gene model:

- 439 T > A
- 1029 G > T
- 1057 C > G
- 591 T > G
- 1159 G > A
- 1174 T > G
- 1008 A > C
- 1224 A > T
- 1250 G > A
- 1831 T > C
- 1138 A > G
- 2317 G > A
- 2361 T > A
- 2374 T > A

Polymorphisms detailed below the gene model:

ttttcttctcttttttttgagatca > tttcttctctcttttttttgagatca
 1 bp deletion polymorphism

gtgtagatttttttttggcgtatt > gtagtagatttttttttggcgtatt
 1 bp deletion polymorphism

NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 5 (*NDUF5*): AL139015.5

0 Kb

380 bp

750 bp

150 bp

24.5 Kb

ATG

TGA

ctaaacaagagtggtggtc > ctaaacaaggctggttc
2 bp deletion polymorphism

caagtgacacccgtgaaaagagaagatgaa > caagtgactacccgtgaaaagagaagatgaa
1 bp deletion polymorphism

NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 6 (*NDUFS6*): AC025183.3

0 Kb 16.5 Kb

NADH-ubiquinone oxidoreductase Fe-S protein 8 (*NDUFS8*): AC034259.2
0 Kb

The diagram shows the gene structure of NDUFS8 with exons represented by boxes and introns by lines. Mutations are indicated by vertical lines with labels: -45 A > C, 163 T > C, 123 T > C, -502 G > A, 481 C > A, 503 G > A, 1287 G > A, 1358 C > T, 1429 G > A, and 1572 C > A. A 1-base insertion polymorphism is noted between positions 1287 and 1358. The sequence cagagaccttgacccccccatctaccatcatttccaaaa is shown below the gene model.

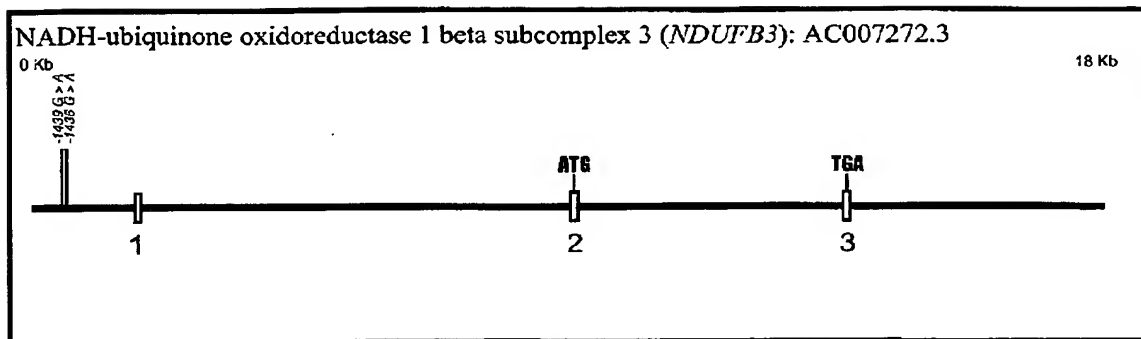
1 2 3 4 5 6 7

ATG TGA

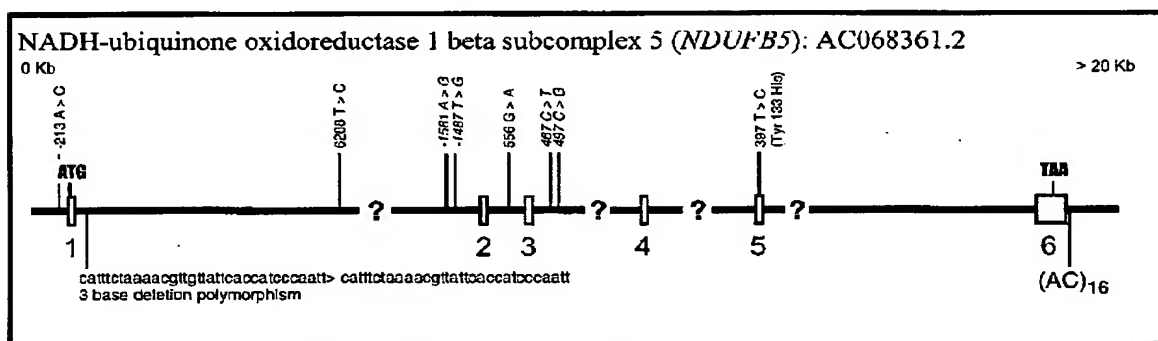
cagagaccttgacccccccatctaccatcatttccaaaa
1base insertion polymorphism

> 7.5 Kb

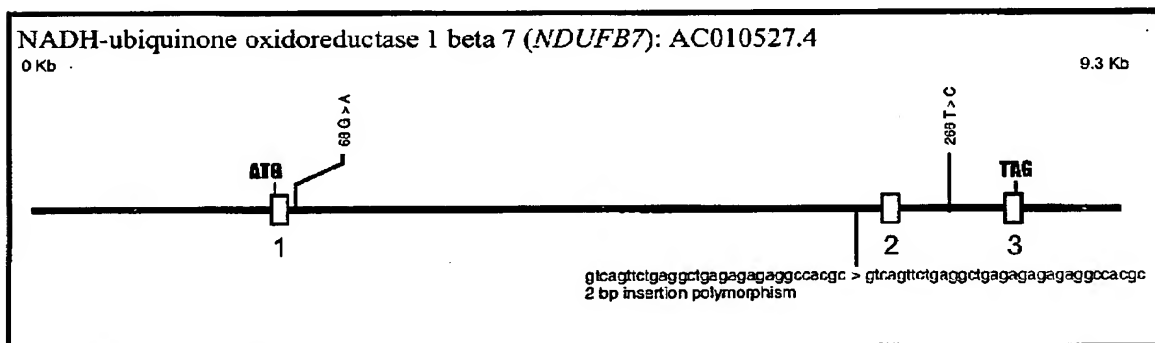
【図 8 4】



【図 8 5】



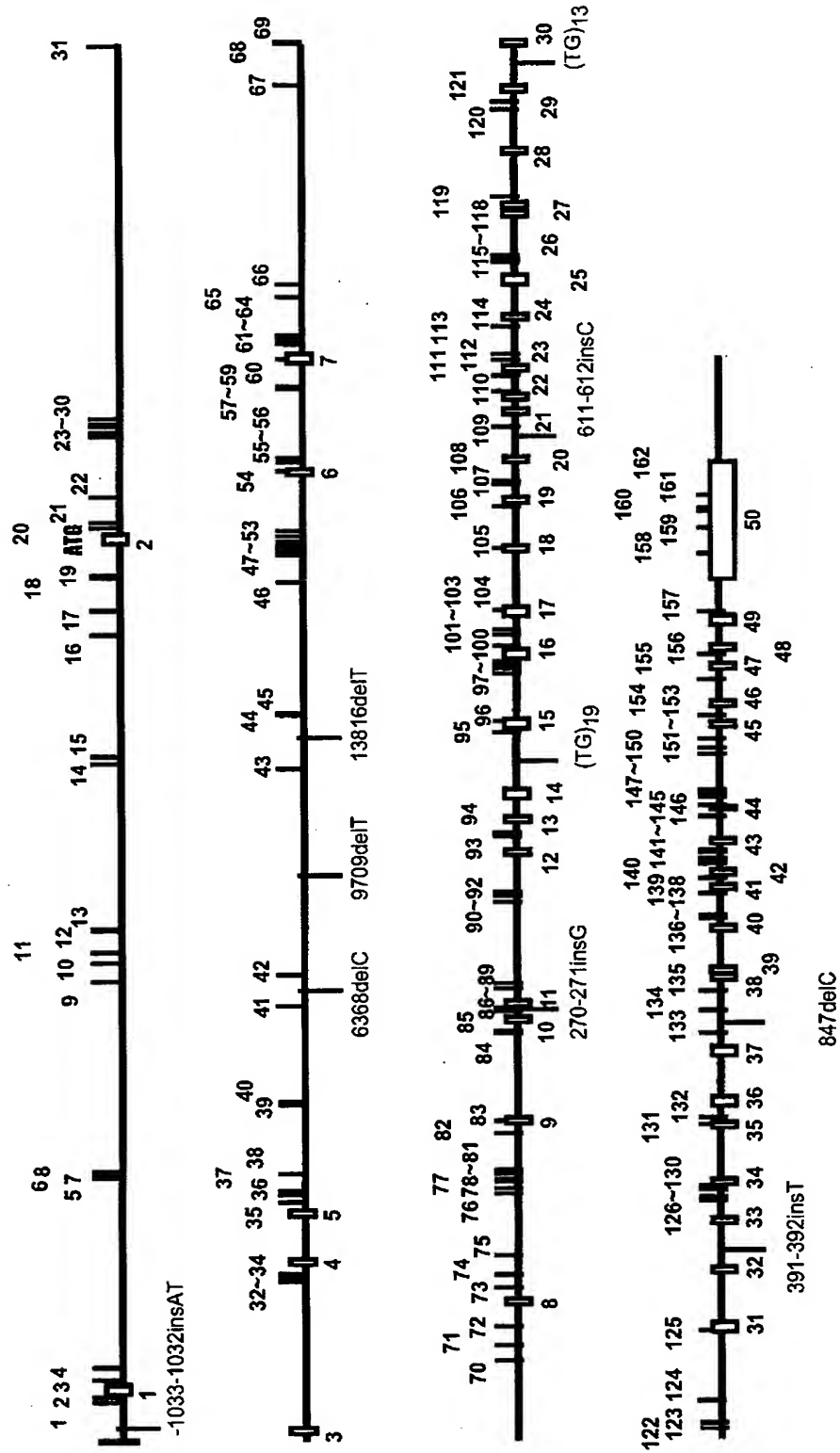
【図 8 6】



【図 87】

SNPs

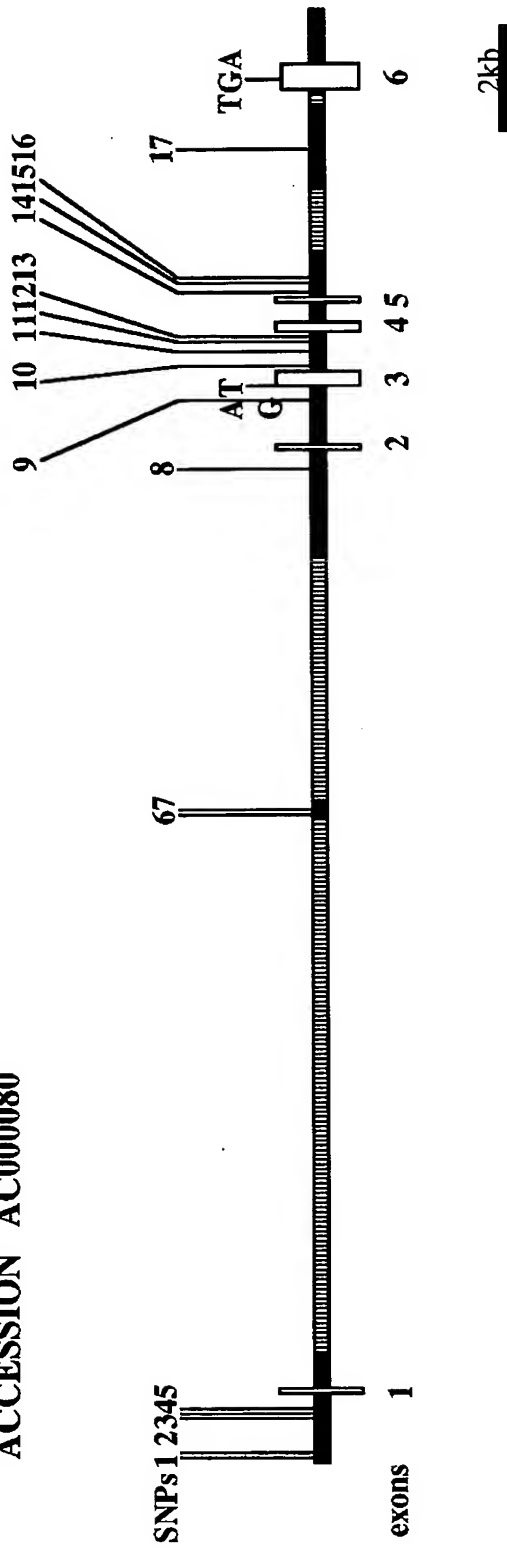
ABCA1 ACCESSION AF275948.1



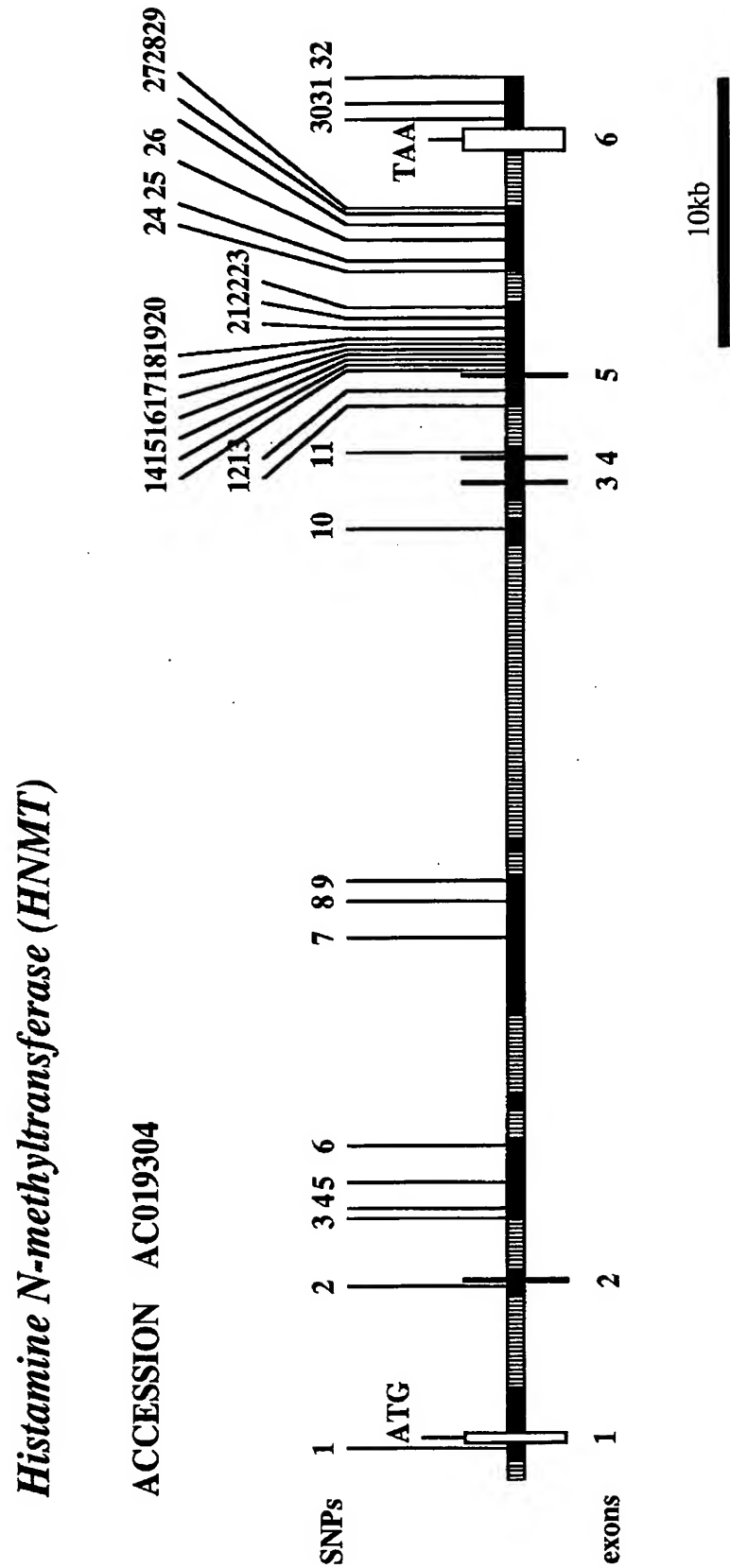
【図 88】

Catechol-O-methyltransferase (COMT)

ACCESSION AC000080



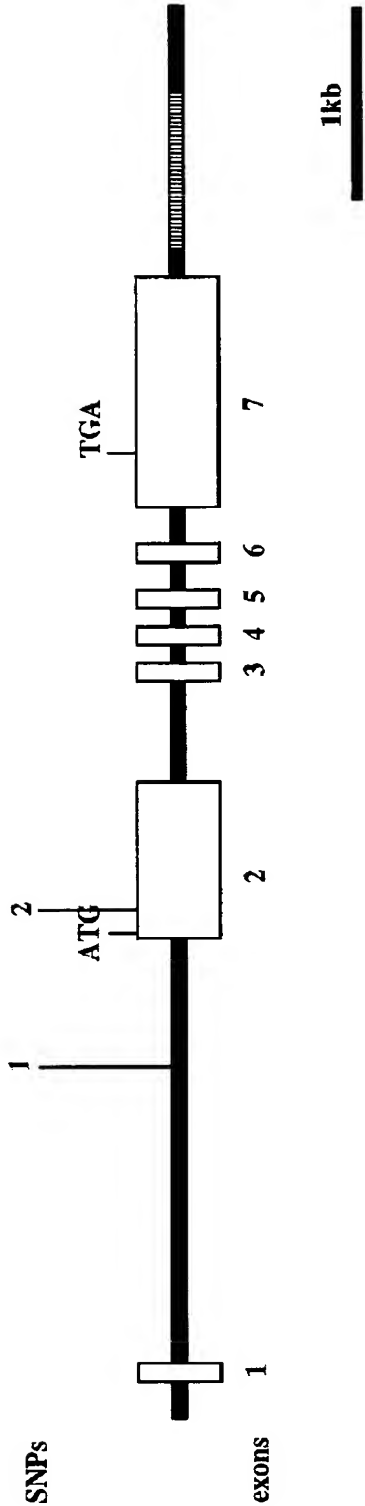
【図89】



【図 9 0】

Cytochrome P450, subfamily I, polypeptide I (CYP1A1)

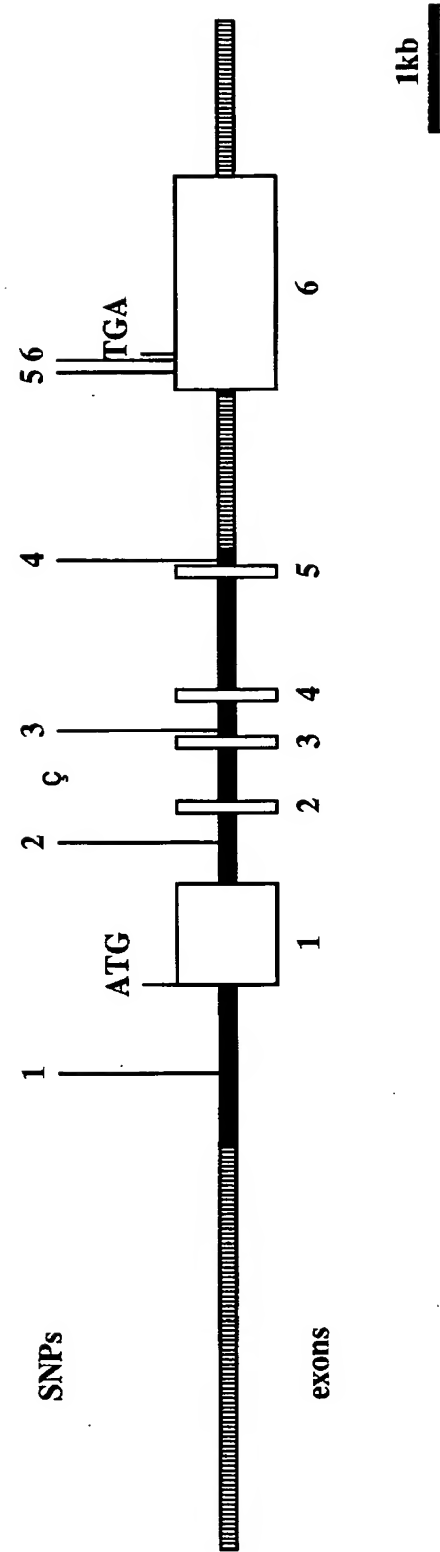
ACCESSION X04300



【図 9 1】

Cytochrome P450, subfamily 1, polypeptide 2 (CYP1A2)

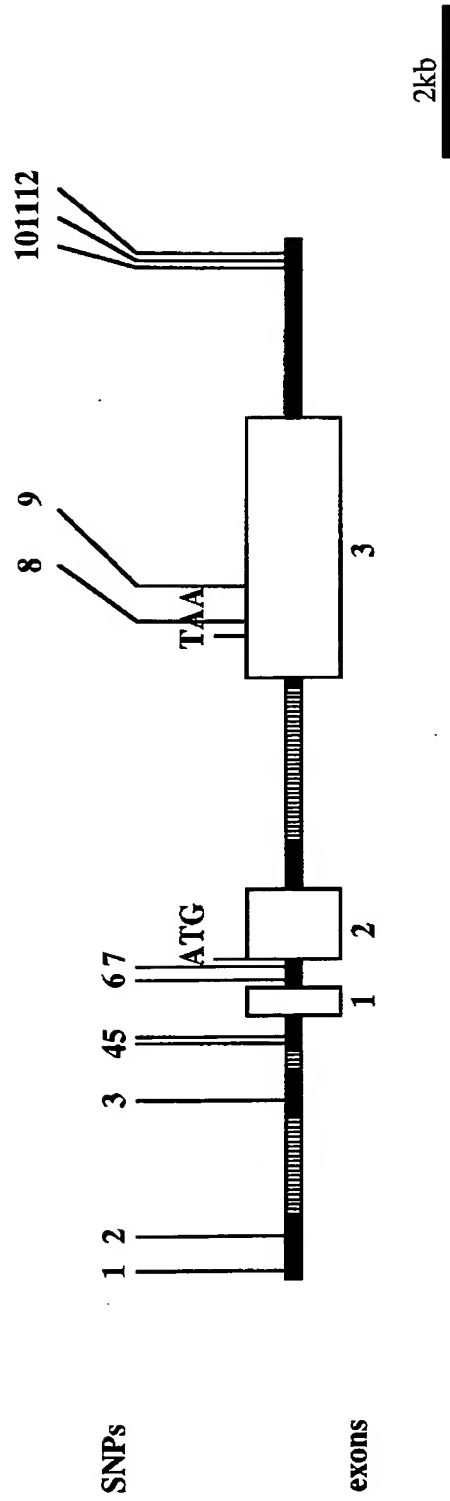
ACCESSION AC020705



【図 92】

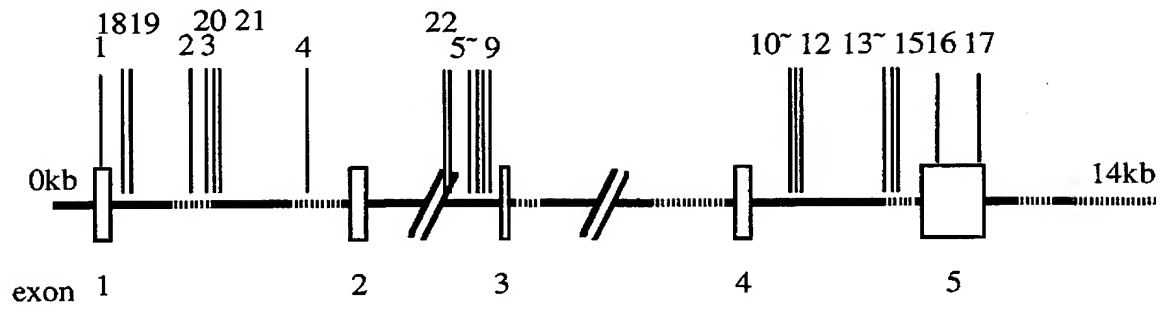
Cytochrome P450, subfamily I, polypeptide 1 (CYP1B1)

ACCESSION AC009229

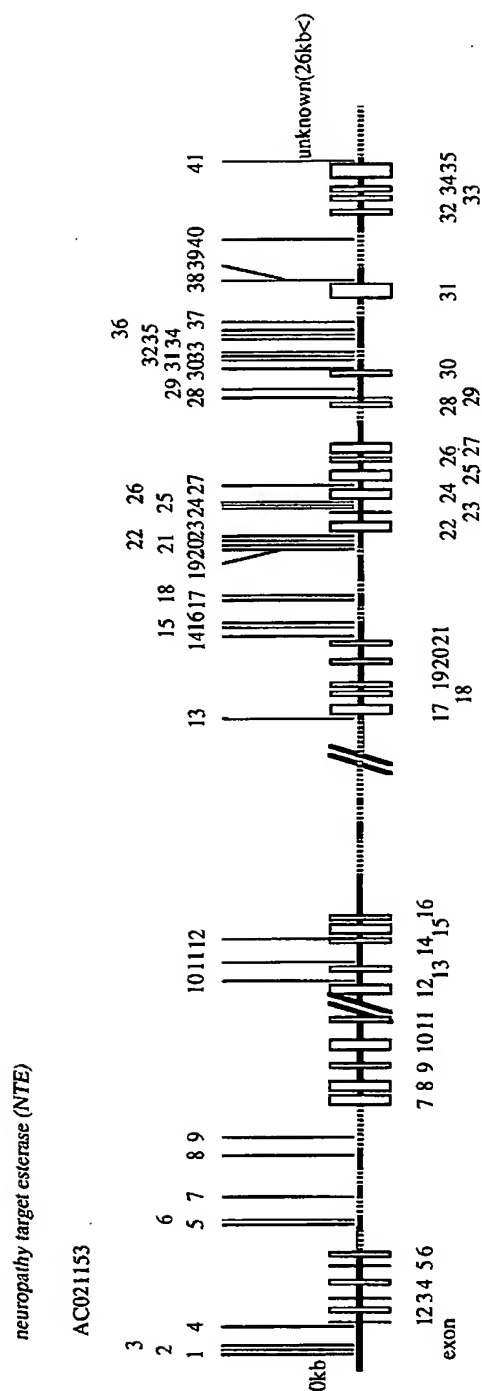


【図 93】

arylacetamide deacetylase(AADA)



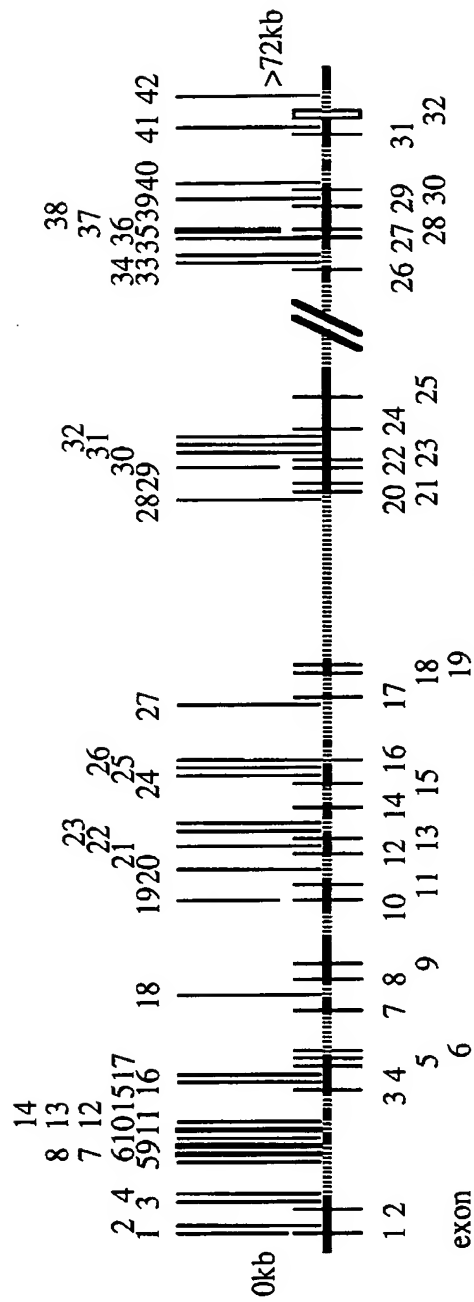
【図 94】



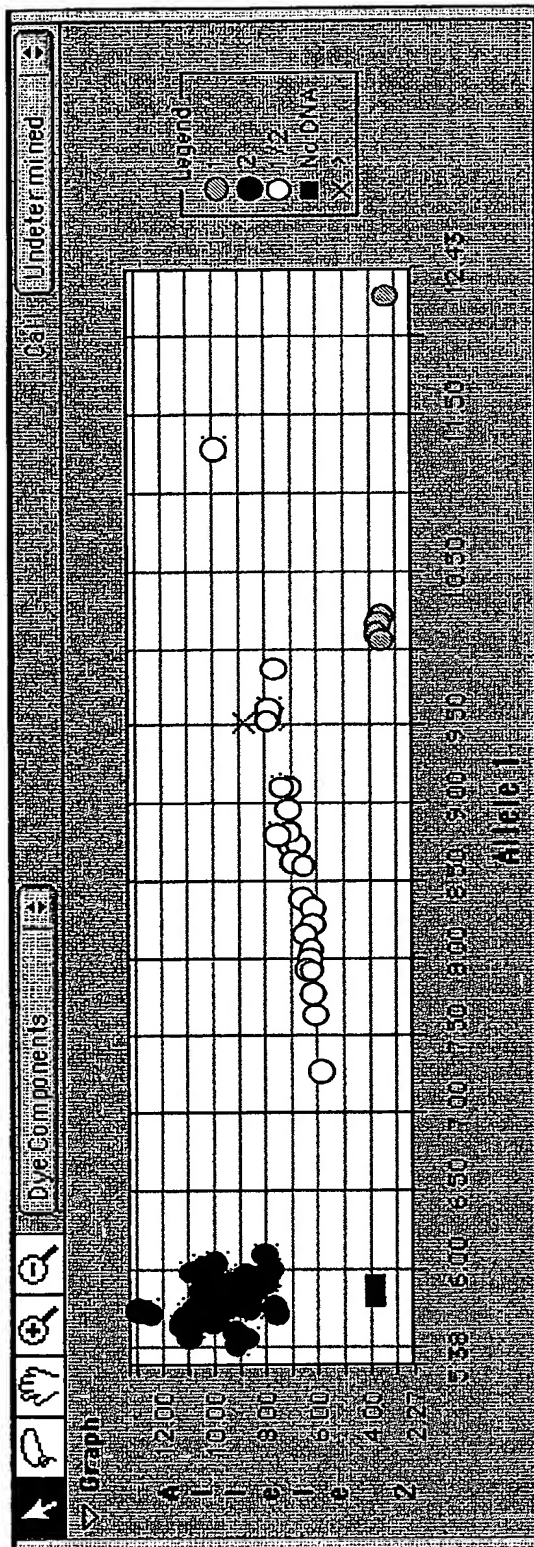
【図 95】

ATP-binding Cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 2

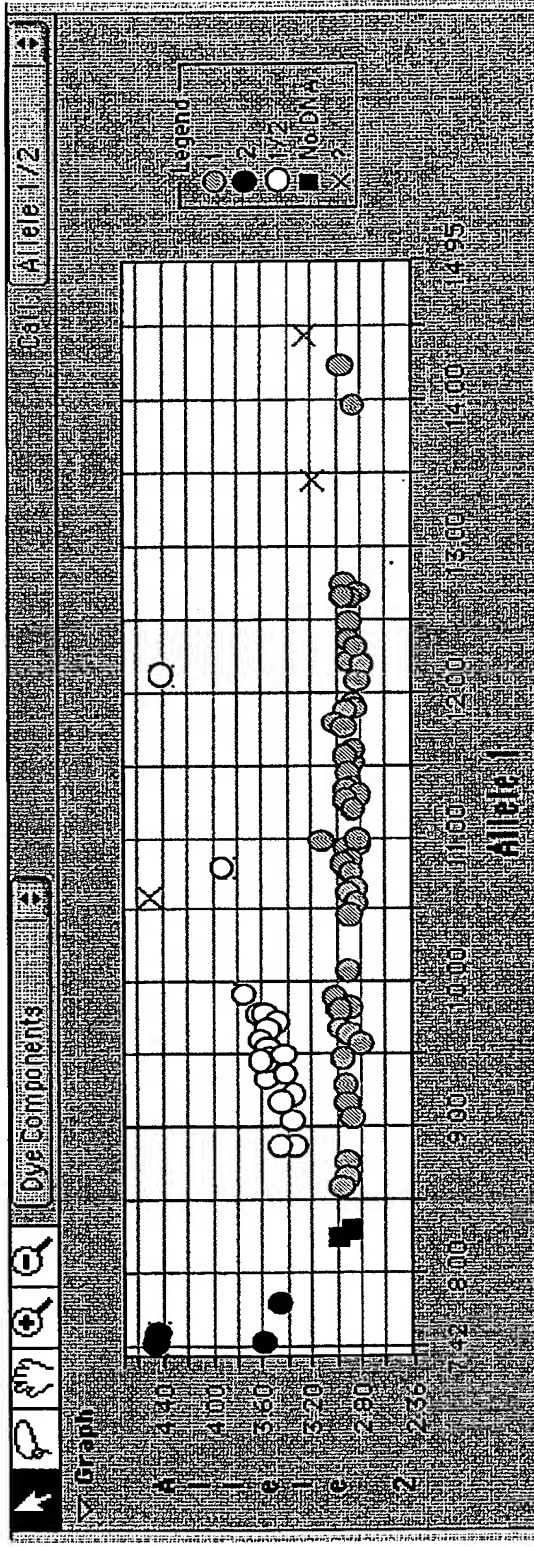
AL392107.4



【図 96】



A



B

【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 遺伝子多型の検出方法の提供。

【解決手段】 薬物代謝酵素をコードする遺伝子中に存在する遺伝子多型情報から、該遺伝子多型部位を含むように、又は薬物代謝酵素をコードする遺伝子を増幅したときの増幅断片中に前記遺伝子多型部位が含まれるように、オリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーを作製し、得られるオリゴヌクレオチドプローブ及び/又はオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、目的の薬物代謝酵素をコードする遺伝子中の少なくとも 1 個の遺伝子多型を検出することを特徴とする遺伝子多型の検出方法。

【選択図】 なし

特願 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [0 0 0 0 0 6 7 9 2]

1. 変更新月日	1 9 9 0 年 8 月 2 8 日
[変更理由]	新規登録
住 所	埼玉県和光市広沢 2 番 1 号
氏 名	理化学研究所

特願 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [5 0 0 0 5 6 7 5 8]

1. 変更年月日 2 0 0 2 年 9 月 9 日
[変更理由] 識別番号の二重登録による抹消
[統合先識別番号] 5 9 8 0 3 9 6 5 5
住 所 神奈川県横浜市青葉区あざみ野 1 - 1 7 - 3 3
氏 名 中村 祐輔

特願 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [5 9 8 0 3 9 6 5 5]

1. 変更年月日 2 0 0 2 年 9 月 9 日
[変更理由] 識別番号の二重登録による統合
[統合元識別番号] 5 0 0 0 5 6 7 5 8
住 所 神奈川県横浜市青葉区あざみ野 1 丁目 1 7 番 3 3 号
氏 名 中村 祐輔

特願 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[5 0 1 0 0 2 4 7 1]

1. 変更年月日

2 0 0 0 年 1 2 月 2 7 日

[変更理由]

新規登録

住 所

東京都国立市北 1 - 1 1 - 8

氏 名

関根 章博

特願 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[5 0 1 0 0 2 4 8 2]

1. 変更年月日

2 0 0 0 年 1 2 月 2 7 日

[変更理由]

新規登録

住 所

神奈川県川崎市中原区田尻町 2 1

氏 名

飯田 有俊

特願 2 0 0 1 - 1 3 5 2 5 6

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[5 0 1 0 0 2 4 9 3]

1. 変更年月日

2 0 0 0 年 1 2 月 2 7 日

[変更理由]

新規登録

住 所

東京都青梅市東青梅 5 - 1 0 - 6 河辺パークホームズ 1 0 8

氏 名

斎藤 督